

DS

# BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND

09/973395  
RE 23 JUN 1999  
WIPO PCT



EDV

**PRIORITY  
DOCUMENT**  
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

## Bescheinigung

DE 99/1174

Die metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH in Berlin/Deutschland hat  
eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor"

am 17. April 1998 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Das angeheftete Stück ist eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprüng-  
lichen Unterlage dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole  
C 07 K, A 61 K und C 07 H der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 21. Mai 1999

Deutsches Patent- und Markenamt

Der Präsident

Im Auftrag

Keller



Patenzzeichen: 198 17 948.0

## Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor

5 Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

10 Eine Krebstodesursachen bei Frauen ist der Endometriumtumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die  
25 experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von  
30 cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist ( > 2000  
35 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

40 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler  
50 weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.141 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Endometriumtumor eine Rolle spielen.

5 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-126.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

10

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-126.

15

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

25

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-126 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

30

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141, die im Endometriumtumor erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-126 hybridisieren.

35

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

40

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-126 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die

45

erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

50

Unter Expressionssystemen bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),  
 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene),  
 5 pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc,  
 10 CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.  
 15

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand  
 30 der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und  
 40 Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

45 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos 142-528.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 142-528 aufweisen.  
 50

Die Erfindung betrifft Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 141 kodiert werden.

- 5 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 142-528 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

10 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 142-528 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 142-528 enthalten.

- 25 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

30 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-141 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

40 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

- 5 Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
- ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
- 10 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
- 15 Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

## Erklärung zu den Alignmentparametern

- minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen
- 25 maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

## Erklärung der Abbildungen

- 30 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- 25 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- 40 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- 45 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

25

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusgewebe ESTs.

30

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

35

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 136 gefunden, die 15,6 .x stärker im Endometriumtumor als im Normalgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef

	Uterus_allgen	0.0000	0.0000	undef	def
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
5	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			

10		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0056	
	Gehirn	0.0000	
15	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefäesse	0.0142	
	Lunge	0.0108	
20	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0126	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068	
30	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0076	
	Gastrointestinal	0.0000	
35	Haematopoetisch	0.0171	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0060	
40	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0125	

45 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
50	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
55	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
60	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
65	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
70	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211

	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
5	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

10		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
15	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
20	Lunge	0.0036	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
25	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
30	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
35	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
40	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.3166	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0281	0.2774	3.6055
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0118	0.0123	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428	7.0040
	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278	
	Gastrointestinal	0.0194	
40	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0157	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0107	
45	Lunge	0.0145	
	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0124	
	Placenta	0.0121	
	Prostata	0.0249	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0272	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0203	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0076	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0194	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
65	Nerven	0.0120	
	Prostata	0.0137	
	Sinnesorgane	0.0155	
	Uterus_n	0.0083	

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			

35

40

45

	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

55

60

65

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0167

## Elektronischer Nachrechner für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS %Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
55	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
60	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0759
	Endokrines_Gewebe	0.0000
65	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
70	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
75	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
	Gastrointestinal	0.0096	0.0278	0.3451	2.8974
	Gehirn	0.0133	0.0164	0.8100	1.2346
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0197	0.0164	1.2066	0.8288
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1904	5.2530
	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0240	0.0267	0.8985	1.1129
	Prostata	0.0044	0.0192	0.2275	4.3961
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0272	0.8417	1.1881
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0250	
40	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0157	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0260	
	Herz-Blutgefuesse	0.0178	
45	Lunge	0.0036	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0121	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0251	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0136	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0354	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0245	
60	Gastrointestinal	0.0244	
	Haematopoetisch	0.0228	
	Haut-Muskel	0.0551	
	Hoden	0.0386	
	Lunge	0.0082	
65	Nerven	0.0181	
	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0167	

Elektronischer Name für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
10	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0092	0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer M...ern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer M...ern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9634
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Merkmalskatalog für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		3Haeufigkeit	3Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		3Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		3Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0153	0.0188	0.8166	1.2245
	Duendarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0182	0.4934	2.0268
10	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0100	1.8679	0.5354
	Gastrointestinal	0.0192	0.0324	0.5917	1.6901
	Gehirn	0.0067	0.0205	0.3240	3.0866
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
	Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0102	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
	Niere	0.0407	0.0068	5.9478	0.1681
	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0476			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1114			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Nachrechner für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		3Haeufigkeit	3Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		3Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		3Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0256	0.3051	3.2777
	Brust	0.0090	0.0113	0.7939	1.2595
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
10	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0050	5.0944	0.1963
	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529	2.8338
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0285	0.0194	1.4706	0.6800
	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
30	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0064
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0389
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0458

## Elektronischer K. ltern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0096	0.0041	2.3399	0.4274
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0330	0.2542	0.1300	7.6946
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0468	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0056	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0121	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0136	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0070	
60	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0040	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0077	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer K...ern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
35	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
40	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
70	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0052	0.0010	5.0397	0.1984
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0201	0.0412	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0170	0.3839	2.6051
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_c	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Nachkern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Notr( für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0031	3.8398	0.2604
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Kern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0052	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		Haeufigkeit	Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0680			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer M...ern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0204	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0064	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0020	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0232	
	Uterus_n	0.0083	

Elektronischer Nort( ), für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0520
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0105
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_aligemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Notiz für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0023			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.9520
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Name: ern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0479	0.1699	5.8845
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0036	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0340	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0029	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0171	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0246	
65	Nerven	0.0030	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0083	

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0030	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Namekatalog für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit		
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0023	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0030	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0077	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Nachrechner für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0072	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0047	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Namekatalog für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duendarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0118	0.0041	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz	0.0064	0.0275	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0187	0.0164	1.1431	0.8748
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0199			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0071	
45	Lunge	0.0072	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0182	
	Prostata	0.0499	
	Sinnesorgane	0.0126	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0204	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0101	
	Endokrines_Gewebe	0.0490	
	Foetal	0.0122	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0399	
	Haut-Muskel	0.0454	
	Hoden	0.0231	
	Lunge	0.0082	
65	Nerven	0.0301	
	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0167	

## Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0102	0.0226	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0164	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0276	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
40	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0217
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0557
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0402
60	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0342
	Haut-Muskel	0.0486
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0328
65	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0291

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Name: Nomen für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361	7.3472
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0412	0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
45	Lunge	0.0072	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0182	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0012	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0040	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0107	
45	Lunge	0.0036	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0249	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0012	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Name für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0006	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0006	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Katern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

40	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
45	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
55	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
65	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
70	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
75	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer K... hren für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
55	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
70	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0071	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0126	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer V. hern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0029			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
	Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992	0.3449
	Gehirn	0.0103	0.0113	0.9163	1.0913
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0145	0.0123	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
60	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0077	0.0185	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		3Haeufigkeit	3Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		3Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		3Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Nachkern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duennndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0072	0.6171	1.6205
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8567	1.1673
	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0476
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

## Elektronischer Northridge für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0207	0.5568	1.7960
	Duennndarm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0240	0.0260	0.9210	1.0858
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900	1.4494
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
	Herz	0.0180	0.0275	0.6553	1.5260
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0426			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
40	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0151			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
65	Nerven	0.0211			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Index für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0056	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0170	0.8957	1.1165
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Notiz für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit		
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0230	0.0046	4.9700	0.2012
	Gehirn	0.0096	0.0082	1.1699	0.8547
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278	
	Gastrointestinal	0.0056	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0236	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0356	
45	Lunge	0.0289	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0124	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0628	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0204	
	Eierstock_n	0.1595	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0047	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0228	
	Haut-Muskel	0.0097	
	Hoden	0.0231	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0100	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0083	

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Nachrechner für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0244	0.0137	1.7843	0.5604
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Nachharn für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef	undef
		Duennndarm	0.0031	0.0000	0.0000	undef	0.0000
		Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	0.0000	undef
10		Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	0.0000	undef	0.0000
		Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		Gehirn	0.0022	0.0010	0.0010	2.1599	0.4630
		Haematopoetisch	0.0013	0.0000	0.0000	undef	0.0000
		Haut	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15		Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		Herz	0.0032	0.0000	0.0000	undef	0.0000
		Hoden	0.0058	0.0000	0.0000	undef	0.0000
		Lunge	0.0010	0.0020	0.0020	0.5080	1.9684
		Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20		Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		Niere	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		Penis	0.0030	0.0000	0.0000	undef	0.0000
		Prostata	0.0044	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25		Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.1055	0.0000	undef
		Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30		Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	0.0000	0.0000	undef	undef
		Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef

35

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
		Entwicklung	0.0000
		Gastrointestinal	0.0000
40		Gehirn	0.0000
		Haematopoetisch	0.0039
		Haut	0.0000
		Hepatisch	0.0000
		Herz-Blutgefuesse	0.0000
45		Lunge	0.0000
		Nebenniere	0.0000
		Niere	0.0000
		Placenta	0.0000
		Prostata	0.0000
		Sinnesorgane	0.0000

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

		%Haeufigkeit	
55		Brust	0.0000
		Eierstock_n	0.0000
		Eierstock_t	0.0000
		Endokrines_Gewebe	0.0000
		Foetal	0.0047
60		Gastrointestinal	0.0000
		Haematopoetisch	0.0000
		Haut-Muskel	0.0097
		Hoden	0.0000
		Lunge	0.0000
65		Nerven	0.0000
		Prostata	0.0068
		Sinnesorgane	0.0000
		Uterus_n	0.0125

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0038	0.0188	0.2042	4.8982
	Duennndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0125	1.0868	0.9201
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
15	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
	Herz	0.0307	0.0275	1.1179	0.8945
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0286	0.1452	6.8893
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0110	1.0470	0.9551
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0194			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0126			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Nachrechner für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074 1.1021
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289 3.0402
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0728	0.0185	3.9346 0.2542
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838 5.4400
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628 0.5368
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983 1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
30	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0083		
40	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefuesse	0.0000		
45	Lunge	0.0072		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0136		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0608		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0047		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0164		
65	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0068		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

## Elektronischer Notiz für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0309
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
60	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Nachrechner für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0013		0.0019		0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000		0.0165		0.0000	undef
	Eierstock	0.0000		0.0079		0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0007		0.0021		0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef
	Lunge	0.0021		0.0061		0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0043		0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
30	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0000					

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0071	
45	Lunge	0.0072	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0136	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0029	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0010	
	Prostata	0.0137	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Norm n für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0059	0.0051	1.1519	0.8681
	Haematopoetisch	0.0187	0.0379	0.4940	2.0241
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.2513	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0072	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0124	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0068	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0023	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0246	
65	Nerven	0.0010	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0077	
	Uterus_n	0.0083	

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Normieren für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0150	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0208	0.4317	2.3163
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0268	0.0231	1.1597	0.8623
	Gehirn	0.0081	0.0123	0.6600	1.5152
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0554	0.5512	1.8143
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Name für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer K...hern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	- Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0149	0.2925	3.4192
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Nachkern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278	
	Gastrointestinal	0.0028	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0068	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

70 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Name für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

Elektronischer Name: I Query: uet\_g1989470\_2.fasta.ext  
 I QUERY: uet\_g1989470\_2.fasta.ext

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 104

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer K. hren für SEQ. ID. NO: 105

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit		
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 106

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Nachkern für SEQ. ID. NO: 107

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 108

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Namekatalog für SEQ. ID. NO: 109

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 110

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Namekatalog für SEQ. ID. NO: 111

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 112

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Nachschlüssel für SEQ. ID. NO: 113

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

35

40

45

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointestenstinal	0.0111
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0036
Lunge	0.0108
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0061
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

55

60

65

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0041
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0050
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 114

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Nachschlüssel für SEQ. ID. NO: 115

I

		NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Häufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Häufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 116

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35

40

45

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0028
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0126

55

60

65

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0035
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0077
Lunge	0.0164
Nerven	0.0030
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0310
Uterus_n	0.0042

Elektronischer K...hern für SEQ. ID. NO: 117  
I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 118

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Nachkern für SEQ. ID. NO: 119

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 120

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0012	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0125	

Elektronischer Name für SEQ. ID. NO: 121  
I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 122

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0164	0.1905	5.2490
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

35

40

45

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointestinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0260
Herz-Blutgefuesse	0.0107
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0062
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

55

60

65

Brust	0.0000
Eierstock_n	0.1595
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0087
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0356
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0010
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0250

Elektronischer Name für SEQ. ID. NO: 123

I

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
30	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
40	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
45	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
60	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
65	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 124

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0128	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Cervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0076			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Nachharn für SEQ. ID. NO: 125

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0128	0.3412	2.9308
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0456			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 126  
I QUERY: uet\_g1988732\_2.fasta.ext

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Nachkern für SEQ. ID. NO: 127

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 128

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

35

40

45

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointestinal	0.0028
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0071
Lunge	0.0145
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placeenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

55

60

65

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0051
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0012
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0228
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0154
Lunge	0.0000
Nerven	0.0060
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Nachschlüssel für SEQ. ID. NO: 129

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 130

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0230	1.0170	0.9833
	Brust	0.0269	0.0207	1.2992	0.7697
	Duennndarm	0.0061	0.0662	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150	0.0572	0.2616	3.8219
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
	Gastrointestinal	0.0134	0.0463	0.2899	3.4492
	Gehirn	0.0015	0.0092	0.1600	6.2504
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0966	0.0077	12.6053	0.0793
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0329	0.1600	0.2059	4.8565
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0532			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0146			
60	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0573			
65	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Namekatalog für SEQ. ID. NO: 131

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 132

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0082			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
65	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 133

I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust 0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal 0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn 0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch 0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz 0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
	Niere 0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.1055	0.1290	7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069			
	Zervix 0.0106			

35

40

45

## FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0139
Gastrointestinal	0.0056
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0157
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0036
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0121
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

55

60

65

Brust	0.0136
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0203
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0099
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0171
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0000
Lunge	0.0246
Nerven	0.0060
Prostata	0.0342
Sinnesorgane	0.0387
Uterus_n	0.0250

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 134

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 135

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0486	0.6423	1.5569
	Brust	0.0192	0.0282	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0364	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0326	0.8882	1.1258
	Gastrointestinal	0.0460	0.0231	1.9880	0.5030
	Gehirn	0.0532	0.0575	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0348	0.0379	0.9175	1.0899
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0647	0.0735	13.5999
	Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0288	0.4210	0.0683	14.6349
	Lunge	0.0343	0.0368	0.9314	1.0737
	Magen-Speiseroehre	0.0773	0.0230	3.3614	0.2975
20	Muskel-Skelett	0.0497	0.0660	0.7528	1.3283
	Niere	0.0353	0.1575	0.2241	4.4619
	Pankreas	0.0165	0.0939	0.1760	5.6828
	Penis	0.0299	0.0267	1.1232	0.8903
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
30	Samenblase	0.0890			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0399			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0333
40	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0197
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0783
45	Lunge	0.0217
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0309
	Placenta	0.0727
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 136

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

35

40

45

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointestinal	0.0056
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0079
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefasse	0.0000
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

55

60

65

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0204
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0152
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0082
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0154
Lunge	0.0164
Nerven	0.0060
Prostata	0.0205
Sinnesorgane	0.0077
Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 137

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35

	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
45	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 138

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0059	0.0000	undef	undef
30	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef

35

	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

55

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

## Elektronischer Normieren für SEQ. ID. NO: 139

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0079	0.0129	0.6102	1.6389
	Brust	0.0115	0.0169	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0074	0.0092	0.8000	1.2501
	Haematopoetisch	0.0080	0.0758	0.1059	9.4460
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0114	0.0164	0.6985	1.4315
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
45	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 140

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Name für SEQ. ID. NO: 141

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenn darm	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
10	Endokrines Gewebe	0.0102	0.0176	0.5822	1.7176
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
	Niere	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0149	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.2111	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0305			
40	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0093			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 142

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0383	0.7119	1.4047
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
	Duenndarm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0312	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0201	1.4434	0.6928
	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0298	0.4469	2.2378
	Haematopoetisch	0.0281	0.0379	0.7411	1.3494
	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
15	Hepatisch	0.0381	0.0259	1.4706	0.6800
	Herz	0.0191	0.1512	0.1262	7.9265
	Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0447	0.0470	0.9498	1.0528
	Magen-Speiseroehre	0.0773	0.0153	5.0421	0.1983
20	Muskel-Skelett	0.0668	0.0420	1.5909	0.6286
	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
	Pankreas	0.0066	0.0331	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.1600	0.0936	10.6842
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0204	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	under	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1240			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0111	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0118	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0260	
	Herz-Blutgefuesse	0.0107	
45	Lunge	0.0036	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0364	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0126	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0408	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0253	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0169	
60	Gastrointestinal	0.0244	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0454	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	

## Elektronischer Nachtrag für SEQ. ID. NO: 143

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0383	1.0170	0.9833
	Brust	0.0102	0.0301	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
10	Endokrines_Gewebe	0.0358	0.0351	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0148	0.0226	0.6545	1.5279
	Haematopoetisch	0.0227	0.2273	0.1000	10.0016
	Haut	0.0367	0.1695	0.2166	4.6168
15	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
	Herz	0.0445	0.0687	0.6476	1.5441
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0291	0.0470	0.6185	1.6169
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0153	3.7816	0.2644
20	Muskel-Skelett	0.0685	0.0840	0.8159	1.2257
	Niere	0.0244	0.0685	0.3569	2.8022
	Pankreas	0.0116	0.0607	0.1904	5.2530
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.6332	0.0213	46.8633
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0867			
	Zervix	0.0639			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0167	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0236	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0182	
	Prostata	0.0997	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0068	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0035	
60	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0030	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0464	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 144

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaeesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Nachtrag für SEQ. ID. NO: 145

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

35

	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0118
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0107
45	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0242
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

55

	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0356
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Nor(t) für SEQ. ID. NO: 146

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn(darm)	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0041			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Name für SEQ. ID. NO: 147

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 148

I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0150	0.4253	2.3511
	Duennndarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0139	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0071	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0136	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0101	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0082	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0082	
65	Nerven	0.0040	
	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## 2.2 Fisher-Test

- Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.
- Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
  2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
  3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen
- Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).
- Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.
- Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu ( ) einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits  
5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	96.43	unbekannt	377	1046	D2S174-D2S390
2	100.00	Mouse mammary tumor virus proviral envelope gene Polymerase protein	351	373	
3	99.47	Homolog zu Human protein kinase C-binding protein RACK17	261	1571	D1S477-D1S504
4	98.71	Homolog zu Human mRNA for KIAA0079	200	1789	D10S537-D10S21a
5	93.39	Caenorhabditis elegans cosmid T23B12	174	2361	
6	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid C01A2	248	1638	D20S100-D20S173
7	96.43	unbekannt	244	1034	D12S1589-D12S85
8	98.71	unbekannt	308	947	
9	98.71	unbekannt	278	497	
10	99.85	unbekannt	210	269	
11	99.85	unbekannt	291	1717	
12	98.71	unbekannt	271	1419	
13	99.47	unbekannt	253	671	
14	98.71	unbekannt	133	524	
15	98.71	unbekannt	285	345	
16	98.71	rGSTK1-1=glutathione S-transferase subunit 13	332	1060	D6S1617-D6S167a
17	98.71	Rattus norvegicus neuritin	312	1721	Chron.
18	99.47	Rattus norvegicus cytosolic NADP-dependent isocitrate dehydrogenase	370	2367	
19	98.71	Rat unr mRNA for unr protein with unknown function	269	1321	D1S418-D1S252
20	99.98	Rat prostatic binding protein polypeptide c1	337	384	
21	98.71	Rat GTP-binding protein (ral B)	276	367	
22	98.71	R. norvegicus mRNA for TRAP-complex gamma subunit	254	2621	
23	98.71	P. sativum mRNA for Cop1 protein	431	2019	D1S242-D1S416
24	99.85	P. falciparum pfmdr1 gene	359	1866	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
25	98.71	ORF 5' of ECLF2...ECRF3=G protein-coupled receptor homolog	317	1189	
26	96.43	O. cuniculus lambda-crystallin mRNA	318	1418	
27	96.43	Mus musculus flotillin	236	814	
28	96.43	Mouse glycerol-3-phosphate acyltransferase	295	3039	
29	98.71	Mouse clathrin-associated protein (AP47)	251	1448	
30	93.39	Lycopersicon esculentum biotin-containing subunit of methylcrotonyl-CoA carboxylase	317	1394	
31	98.71	Leucine aminopeptidase, bovine	367	734	
32	96.43	Klebsiella pneumoniae possible RNA helicase (dead)	243	692	
33	99.99	Human mammaglobin Homolog	268	517	
34	98.71	Human DNA sequence from PAC 138A5 on chromosome X	284	322	
35	99.99	Human DNA sequence from clone 230G1	282	1559	
36	98.71	Human DNA sequence from clone 217C2	210	1072	
37	98.71	Human Cosmid Clone 26a1	369	454	D22S420-D22S446
38	98.71	Homolog zu Human chromosome 3p21.1 gene sequence	302	700	3p21.1
39	98.71	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid f21246	274	914	
40	98.71	H. sapiens mRNA for Ptg-1 protein	329	1669	D17S791-D17S797
41	98.71	H sapiens CpG island DNA genomic Mse1 fragment	354	355	
42	98.78	H. sapiens (TL5) mRNA from LNCaP cell line	348	2628	
43	98.71	Genomic sequence from Human 9q34	269	2535	D9S179-D9S164
44	99.85	Drosophila melanogaster misato gene	282	805	D1S305-D1S506
45	99.85	Chicken mRNA for vitellogenin I	246	1279	
46	99.85	Caenorhabditis elegans DNA from clone F31D4	235	1923	
47	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863	273	706	
48	99.98	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863	292	749	
49	96.43	Caenorhabditis elegans cosmid ZK596	279	857	D10S212
50	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid T26A5	236	268	
51	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid T21G5	253	297	
52	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid F56D5	185	590	
53	96.43	Caenorhabditis elegans cosmid F25D7	307	1714	
54	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid F08C6	200	1340	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
55	96.43	C.botulinum bont (partial) and ntfn genes	415	765	
56	96.43	Bovine mRNA fragment for 49 kDa subunit of mitochondrial NADH:ubiquinone oxidoreductase (EC 1.6.5.3)	398	1647	
57	99.85	Bos taurus (clone pTKD7) dopamine and cyclic AMP-regulated neuronal phosphoprotein (DARPP-32)	255	1166	
58	98.71	A.thaliana mRNA for RNA helicase	274	487	D5S39
59	93.39	A. thaliana glycine-rich protein {clone atGRP-4}	236	1630	D5S2113
60	93.39	Saccharomyces cerevisiae Grd19p (GRD19)	306	1272	
61	96.43	Saccharomyces cerevisiae chromosome XII cosmid 9328	254	1914	D7S667-D7S2427
62	98.71	S.pombe chromosome I cosmid c13D6	226	608	
63	99.92	Rattus norvegicus RNA helicase with arginine-serine-rich domain	279	2674	D17S797-D17S788
64	98.71	Rattus norvegicus matrilysin (MMP-7) mRNA	235	326	
65	98.71	Rattus norvegicus Diphor-1	347	888	D1S2669-D1S498
66	98.71	Human herpesvirus-7 (HHV7) J1, G protein- coupled receptor (GCR)	202	202	
67	98.71	Homolog zu Human synapsin I (SYN1)	325	1225	
68	98.78	Homolog zu Human PAX3 gene	286	1093	
69	98.71	Homolog zu Human multiple exostosis 2 (EXT2)	305	309	
70	98.71	Homolog zu Homo sapiens integrin variant beta4E (ITGB4)	378	380	
71	98.71	Homolog zu Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	235	1253	
72	99.92	Homolog zu H;sapiens mRNA for deoxyguanosine kinase	309	439	
73	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid Y48E1B	255	1252	D4S1619-D4S1600
74	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid T21D12	313	695	
75	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid R107	262	2514	D13S261-D13S293
76	99.98	Caenorhabditis elegans cosmid M04C9	273	274	
77	98.71	Bovine opsin	325	449	
78	99.85	unbekannt	313	346	
79	99.85	unbekannt	241	1329	
80	99.85	unbekannt	152	805	
81	98.71	unbekannt	238	420	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identität	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
82	98.71	unbekannt	329	2143	D9S264-D9S257
83	98.71	unbekannt	347	450	
84	98.71	unbekannt	206	408	
85	99.85	unbekannt	276	311	
86	99.85	unbekannt	371	487	
87	96.43	unbekannt	169	1902	
88	96.43	unbekannt	268	1048	D11S1765- D11S913
89	99.85	unbekannt	264	804	
90	98.71	unbekannt	235	581	
91	98.71	unbekannt	201	2042	
92	99.85	unbekannt	328	430	
93	98.71	unbekannt	273	592	
94	98.71	unbekannt	290	674	
95	98.71	unbekannt	153	324	
96	98.71	unbekannt	279	709	
97	99.85	unbekannt	249	562	
98	98.71	unbekannt	406	1948	
99	99.85	unbekannt	302	483	
100	98.71	unbekannt	274	437	
101	99.85	unbekannt	359	359	
102	98.71	unbekannt	210	501	
103	98.71	unbekannt	269	1102	
104	98.71	unbekannt	253	306	
105	98.71	unbekannt	322	2042	
106	98.71	unbekannt	216	320	
107	96.43	unbekannt	321	506	
108	96.43	unbekannt	377	1276	
109	99.85	unbekannt	372	373	
110	99.85	unbekannt	347	492	
111	99.85	unbekannt	194	1678	D6S278-D6S302
112	98.71	unbekannt	342	866	D9S1841- D9S196

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
113	96.43	unbekannt	265	1434	D18S1124-D18S468
114	99.92	unbekannt	319	914	D7S686-D7S530
115	98.71	unbekannt	149	685	D8S1821-D8S255
116	96.43	unbekannt	246	2646	
117	96.43	unbekannt	327	2667	
118	98.71	unbekannt	330	544	
119	96.43	unbekannt	238	1340	D18S471-D18S
120	98.71	unbekannt	298	2376	
121	98.71	unbekannt	225	225	
122	98.71	unbekannt	345	1967	D6S292-D6S1699
123	99.85	unbekannt	288	612	
124	96.43	unbekannt	338	1183	D2S315-D2S2237
125	93.39	unbekannt	280	891	D1S472-D1S2743
126	98.71	unbekannt	261	482	
127	96.41	Human triosephosphate isomerase mRNA	260	610	
128	93.39	Human ras inhibitor mRNA	260	2072	
129	98.71	Human R kappa B	222	980	
130	98.71	Human putative interferon-related protein (SM15)	193	792	
131	96.43	Human protein trafficking protein (S31iii125)	333	1092	
132	98.71	Human protein kinase C-binding protein RACK7	246	1523	
133	99.21	Human gene for histone H1(0)	277	2241	
134	96.43	Human cathepsin B proteinase	204	631	
135	100.00	Homo sapiens cathepsin B mRNA	356	980	
136	96.43	unbekannt	283	2238	
137	98.71	H.sapiens XG mRNA	267	398	
138	98.71	H.sapiens mRNA for RAB7 protein	225	1084	
139	98.71	H.sapiens mRNA for pyrroline 5-carboxylate synthetase	250	1259	
140	98.71	H.sapiens mRNA for beta-1,4-galactosyltransferase	292	1938	
141	96.43	H.sapiens IL-13Ra	258	1874	

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
1	142
	143
	144
2	145
	146
	147
3	148
	149
	150
4	151
	152
	153
5	154
	155
	156
6	157
	158
	159
7	160
	161
	162
8	163
	164
	165
9	166
	167
	168
10	169
	170
	171
11	172
	173
	174
12	175

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Pept. Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
12	176
	177
13	178
	179
	180
14	181
	182
	183
15	184
	185
	186
	187
16	188
	189
	190
17	191
	192
	193
18	194
	195
	196
19	197
	198
	199
20	200
	201
	202
21	203
	204
22	205
	206
	207
23	208
	209
	210
24	211

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
24	212
	213
25	214
	215
	216
26	217
	218
	219
27	220
	221
	222
28	223
	224
	225
29	226
	227
	228
30	229
	230
	231
31	232
	233
	234
32	235
	236
	237
33	238
	239
	240
34	241
	242
	243
35	244
	245
	246
36	247

Di. Sequenzen Seq. ID. No.	Pep. Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
36	248
	249
37	250
	251
	252
38	253
	254
	255
39	256
	257
	258
40	259
	260
	261
41	262
	263
	264
42	265
	266
	267
43	268
	269
	270
44	271
	272
	273
45	274
	275
	276
46	277
	278
	279
47	280
	281
	282
48	283

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
48	284
	285
49	286
	287
	288
50	289
	290
	291
	292
51	293
	294
	295
52	296
	297
	298
53	299
	300
	301
54	302
	303
	304
55	305
	306
	307
56	308
	309
	310
57	311
	312
	313
58	314
	315
	316
59	317
	318
	319

DN-Sequenzen Seq. ID. No.	Pep...Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
60	320
	321
	322
61	323
	324
	325
62	326
	327
	328
63	329
	330
	331
64	332
	333
	334
	335
65	336
	337
	338
66	339
	340
	341
67	342
	343
	344
68	345
	346
	347
69	348
	349
	350
70	351
	352
	353
71	354
	355

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
71	356
72	357
	358
	359
	360
73	361
	362
	363
74	364
	365
	366
75	367
	368
	369
76	370
	371
	372
77	373
	374
	375
78	376
	377
	378
79	379
	380
	380
	381
80	382
	383
	384
81	385
	386
	387
82	388
	389
	390

DN. . . Sequenzen Seq. ID. No.	Pep. . . Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
83	391
	392
	393
84	394
	395
85	396
	397
	398
86	399
	400
	401
	402
87	403
	404
	405
	406
88	407
	408
	409
89	410
	411
	412
90	413
	414
	415
91	416
	417
	418
92	419
	420
	421
	422
93	423
	424
	425
94	426

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
94	427
	428
95	429
	430
	431
	432
96	433
	434
	435
97	436
	437
	438
98	439
	440
	441
99	442
	443
	444
100	445
	446
	447
101	448
	449
	450
102	451
	452
	453
103	454
	455
	456
104	457
	458
	459
	460
105	461
	462

DN. Sequenzen Seq. ID. No.	Pept. Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
105	463
106	464
	465
107	466
	467
	468
	469
108	470
	471
	472
109	473
	474
	475
110	476
	477
	478
111	479
	480
	481
112	482
	483
	484
	485
113	486
	487
	488
114	489
	490
	491
115	492
	493
	494
	495
116	496
	497
	498

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
117	499
	500
	501
118	502
	503
	504
119	505
	506
	507
120	508
	509
	510
121	511
	512
	513
122	514
	515
	516
123	517
	518
	519
124	520
	521
	522
125	523
	524
	525
126	526
	527
	528

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 der  
 5 142-528 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

## Sequenzprotokoll

## (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

## 5 (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- 10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

## 15 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 528

## (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- 25 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1234 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1046 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

25  tcggaacgag ggatcactaa tcaacaaacc agcttttcggg gtctgacgcg atccttgccct 60
    caggccctctc gaggtccaga cagccgcccc gcccgctctg cgacgcagca gtgaatagtg 120
    tggtagctcc ttgtctcggt tcagggtccag acctccccgt cttccggctg ccctgaacgt 180
    caggcgacct caggacctg tgattggcgc ctgcgcgggc ggaccgtgac cgaggaaacc 240
    cctggaggga cttgggcatt ccttgggctc cgtgcctgtt cttegtgctc ctttcggggc 300
    aaggatctca cattatcagt ctttgaccga cacagaatgc ctggcatttg ataaatgttt 360
30  gttgaacttg aagagacata tggacaatga atctgcaaag atactgggga gagataccaa 420
    tatcatcaag ccagaccaac agaagttcct tcgatttgct cccacgggag ttccgtcttg 480
    tggaagtcca tgacccaccc ctgcaccaac cctcagccaa caagccgaag cccccacta 540
    tgctggacat cccctcagag ccatgtagtc tcaccatcca tacgattcag ttgattcagc 600
    acaaccgacg tcttcgcaac cttattgcca cagctcaggc ccagaatcag cagcagacag 660
35  aagggtgtaa aactgaagag agtgaacctc ttccctcgtg ccctgggtca cctcctctcc 720
    ctgatgacct cctgccttta gattgtaaga atcccaatgc accattccag atccggcaca 780
    gtgacccaga gactgacttt tatcgtggga aaggggaaacc tgtgactgaa ctgagctggc 840
    actcctgtcg gcagctcctc taccaaggca gtggcacaaa tctggccaa cggcgggctt 900
    ttgactgtgc taatgagagt gtccctggaag accctaactt gatgttggca catgagtatt 960
    ggccttaaag tttaccaaag tttgctgcgt ttttgctgtt gagcggaag cccgggtggg 1020
    agagacttcc ttttgccgaa tgtgat                                     1046
  
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 373 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENS: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

cgaaggcaga gttcaacagg gatcttttgt aaatgttcaa caagggccac aggagccatt 60  
tattgaattt atccatcagt taacccaggc aattaagagc acacatggaa catcgaccat120  
tccacgggta tctcgtataa ccttcaagga caagccatag tggaacgttg cccattccac180  
gcttaaaaaat atgcttttaa aaaaggggga atatgaataa ggaccctaca acactactag240  
cacaagtgtt attcaccctt aatttcttaa atttagataa ttaaatttcc aatcagccct300  
agaaaagcac ttttgcttaa aacctcccca ggtagcaagg ctttcagtgt tttgggaagg360  
tgtaataagt atc 373

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1571 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

ctgctctggc aaccaataga agctaggaga gggcggggac aactgggtct tttgaggctg 60  
cagcgggctt gtaggtgtcc ggctttgctg gccagcaag cctgataagc atgaagctct 120  
tatctttggg ggctgtgggc ggggttttgc tgggtgcccc agctgaagcc aacaagagtt 180  
ctgaagatat ccggtgcaaa tgcattctgc caccttatag aaacatcagt gggcacattt 240  
acaaccagaa tgtatcccag aaggactgca actgcctgca cgtgggtggag cccatgccag 300  
tgccctggcca tgacgtggag gcctactgcc tgctgtgcga gtgcaggtag gaggagcgca 360  
gaccaccacc atcaaggtca tcattgtcat ctacctgtcc gtgggtgggtg ccctgttgct 420  
ctacatggcc ttctgatgc tgggtggacc tctgatccga aagccggatg catacactga 480  
gcaactgcac aatgaggagg agaatgagga tgctcgtctt atggcagcag ctgctgcac 540  
cctcggggga ccccgagcaa acacagtcct ggagcgtgtg gaaggtgccc agcagcgggtg 600  
gaagctgcag gtgcaggagc agcgaagac agtcttcgat cggcacaaga tgctcagcta 660  
gatgggctgg tgtgggtggg tcaaggcccc aacaccatgg ctgccagctt ccaggctgga 720

```

caaagcaggg ggctact( cccttcctc gggtccagtc ttccctt aagcctgtgg 780
catttttctt cctttctcct aacttttagaa atgttgtagt tggctatttt gattagggaa 840
gagggatgtg gtctctgac tccgttgtct tcttggtct ttgggggtga agggagggg 900
aaggcagggc agaaggaat ggagacattc gaggcggcct caggagtga tgcatctgt 960
5 ctctcctggc tccactcttg ccgccttcca gctctgagtc ttgggaatgt tgttaccctt 1020
ggaagataaa gctgggtctt caggaactca gtgtctggga ggaaagcatg gccagcatt 1080
cagcatgtgt tctttctgc agtggttctt tatcaccacc tccctcccag cccagcgcc 1140
tcagccccag cccagctcc agcctgagg acagctctga tgggagagct gggccccctg 1200
agccactgg gtcttcaggg tgcactggaa gctggtgttc gctgtcccct gtgcacttct 1260
10 cgcactgggg catggagtgc ccatgcatac tctgctgccg gtcccctcac ctgcacttga 1320
ggggtctggg cagtccctcc tctccccagt gtccacagtc actgagccag acggtcgggt 1380
ggaacatgag actcgaggct gagcgtggat ctgaacacca cagccccctg acttgggttg 1440
cctcttgtcc ctgaacttcg ttgtaccagt gcattggagag aaaattttgt cctcttgtct 1500
tagagtgtgt tgtaaatcaa ggaagccatc attaaattgt tttatttctc tccaaaaaaa 1560
15 aaaaaaaaaa a 1571

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

- (A) LÄNGE: 1789 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

agaccatgct ggaaaaaatt ccaaaggaag agcaagaaga gacgtctgca attcgagtgg 60
gttttatcac atataacaaa gttctccatt tctttaatgt gaagagtaat ctggcccagc 120
ctcagatgat gggggtgact gatgttgag aagtctttgt tcccttggtg gatggtttcc 180
ttgtcaacta tcaagaatcc caatctgtga ttcataattt gttggaccag attccagaca 240
45 tgtttgcaga ctctaataaa aatgagactg tctttgctcc tgtcatccag gctggcatgg 300
aagcactaaa ggcagcagac tgtcctggga agctgttcat cttccattct tccctgcca 360
ctgctgaagc accaggaag ctcaaaaaca gagatgacaa aaaactgggt aatacagaca 420
aagagaagat acttttccag ccccaacaa atgtctatga ctcatggcc aaggactgcg 480
tggctcaccg gctgctctgt gacactcttc ctctttccta gtcagtatgt ggacgtggcc 540
50 tgcgtggggc tggttcctca gctcactgga ggaacctttt acaaatacaa caatttccag 600
atgcacttgg atagacaaca atttttgaac gacctcagaa atgatattga aaagaaaata 660
ggctttgatg ctattatgag ggttcgtacc agcacagggt tcagagccac tgatttcttt 720
ggtggaatct tgatgaacaa caccaccgat gtagaaatgg ctgccatcga ttgtgacaag 780
gcagtgaccg tggagtcca gcacgatgac aaactcagtg aagacagtgg agccttaatc 840
55 cagtgtgctg tgctttacac gacaatcagt ggtcaaagaa gacttcggat tcacaatctt 900
ggcttaaaact gcagctctca gctagctgat ctttataaga gctgtgagac agatgctctt 960
atcaacttct ttgccaaagc agctttttaa gcagttctcc accagccttt gaaggtcatc 1020
cgggaaattc tagttaatca gactgcccat atgttggcat gttaccggaa gaattgtgca 1080

```

```

agtcctttctg cagca ca gcttatttcta ccagattcca tgaa att gccagtgtac1140
atgaattgct tgttgaaaaa ctgtgtacta ctcagcagac cagag...ctc aactgatgaal200
cgagcataacc agagacagct ggtcatgacc atgggtgtgg ctgactctca gcttttcttcl260
taccacacaac ttctgcccac acacacgtta gatgtcaaga gtacaatgtt acctgctgcc1320
5 gttcgttgct ctgagtcctcg tcttttcagaa gaaggaatat tcttactggc taatgggtctal380
cacatgttcc tgtggttggg agtaagcagc ccaccagaac tgatccaagg aatatttaatl440
gtgccactct ttgcacatat caacacagat atgacattgc tgccctgaagt gggaaaacccal500
tactctcaac aactcagaat gataatgggt attatccaac aaaagaggcc atattcaatg1560
aagctcaca ttgtaaagca gcgagaacaa ccagaaatgg ttttccgaca gttcctgggtal620
10 gaagacaaaag gacttttacgg aggcctcttct tatgtggatt tcttttggtg tgttcacaag1680
gagatctgtc agctgcttaa ttaattggaa actccccggg caatggagggt tgcgttgccal740
gggggggaaa agcccccttt tggggcccaa atttgccagg gggaaaaag 1789

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

40

45

50

55

```

gggccagccg gctcgcccg gggccatggc agcagcggct actgcagccg aggggggtccc 60
cagtcggggg cctccccggg aagtcaccca tctgaatgtg ggaggcaaga gattcagtag 120
ctctcgccag actctcacct ggatcccaga ctcttcttcc tccagctctc tgagcggacg 180
catctcgacg ctgaaagatg agaccggagc aatcttcacg gacagggacc ctacagtctt 240
cgcccccatc ctcaacttcc tgcgcaccaa agagttggat cccaggggtg tccacggttc 300
cagcctcttc catgaagccc agttctatgg gctcactcct ctggttcgtc gcctgcagct 360
tcgagaggag ttggatcgat cttcttggtg aaacgtcctc ttcaatgggt acctgccgcc 420
accagtgttc ccagtgaagc ggcggaaccg gcacagccta gtggggcctc agcagctagg 480
aggacggcca gcccctgtcc gacggagcaa cacgatgccc cccaaccttg gcaatgcagg 540
gctgctgggc cgaatgctgg atgagaaaac ccctccctca ccctcaggac aacctgagga 600
gccggggatg gtgcgcctgg tgtgtggaca ccataattgg atcgctgtgg cctataccca 660
gtttctagtc tgctacaggt tgaaggaagc ctctggcggg cagctggtgt tttccagccc 720
ccgcctggac tggcccatgc gaacgactgg cgcttcacag cccgggtgca tgggtggggct 780
ttgggtgaac atgacaagat ggtggcagca gccaccggca gctgagatcct gctatggggt 840
ctgcaggcgg aaggcgggtg ctccgagata ggggtcttcc atctgggggt gcctgtggag 900
gccttgcttc tcgtcgggaa ccagctcatt gctacaagcc acacaggggc catcgggggtg 960
tggaatgccg tcaccaagca ctggcaggtc caggagggtg agcccatcac cagttagtag 1020
gcggcaggct ccttctctct cctgggctgc aacaacggct ccatttacta cgtggatgtg 1080
cagaagtctc ctttgcgcac gaaagacaac gacctccttg tcagcgagct ctatcgggac 1140
ccagcggagg atggggtcac cgccctcagt gtctacctca cccccaagac cagtgcaggt 1200
gggaactgga tcgagatcgc ctatggcacc agctcagggg gcgtgcgggt catcgtgcag 1260

```

```

caccgggaga ctgtggggc jgggcctcag ctcttcacaga ccttcac gcaccgcagc1320
cctgtcacca agatcatgc gtccggagaag cacctcatct cagtctgtgc cgacaacaac1380
cacgtgcgga catggtctgt gactcgcttc cgggcatga tttccacca gcccggtcc1440
accccaactcg cttccttttaa gatcctggt ctggagtcgg cagatgggca tggcggtgc1500
5 agtgcctggca atgacattgg cccctacggt gagcgggacg accagcaagt gttcatccag1560
aagtggtgtc ccagtgccag ccagctcttc gtgcgtctct catctactgg gcagcgggtg1620
tgctccgtgc gctccgtgga cggctcacc acgacagcct tcacagtgc ggagtgcgag1680
ggctccgggc ggctcggctc tcggcccgcg cgtacactgc tcaactggcca ggccaacggc1740
agcttgggca tgtgggacct aaccaccgcc atggacggcc tcggccaggc ccctgcaggt1800
10 ggctgcagcg agcaagagct gatggaacag ctggaacact gtgagctggc cccgccgggt1860
ccttcagctc cctcatgggg ctgtctcccc agccccctac cccgcatctc cctcaccagc1920
ctccactcag cctccagcaa caccctcttg tctggccacc gtgggagccc aagcccccg1980
caggctgagg cccggcgccg tggtgggggc agctttgtgg aacgctgcca ggaactggtg2040
cggagtgggc cagacctccg acggccaccc acaccagccc cgtggccctc cagcgggtctc2100
15 ggcaactccc tcacacctcc caagatgaag ctcaatgaaa cttccttttg aacaacgcag2160
ctgccatgat gccttgggat gccctggtcc tgggggactc aggtgcctcc ctgattcctg2220
tgggaacccc gggttcaggg ccagggcctc cttggaataa atggttattg ttactaggtc2280
cccaccttcc cttctttctg gaagccaaag tcacctccc caataaagtc ctcactgcca2340
aaaaaaaaa aaaaaaac g
2361
20

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1638 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```

45 ggctgcggat ttgcgcggaa atcccgggaag tgacagcttt ggggggtttgc tgctggctct 60
gactcccgctc ctgcgatggg ttgcgacggg ggaacaatcc ccaagaggca tgaactggtg 120
aaggggccga agaaggttga gaaggtcgac aaagatgctg aattagtggc ccaatggaac 180
tattgtactc taagtcagga aatattaaga cgaccaatag ttgcctgtga acttggcaga 240
ctttataaca aagatgcctg cattgaattt ctcttggaac aatctgcaga aaaggctctt 300
50 gggaaggcag catctcacat taaaagcatt aagaatgtga cagagctgaa gctttctgat 360
aatcctgcct gggaagggga taaaggaaac actaaagggtg acaagcacga tgacctccag 420
cgggcgcggt tcactcgccc cgttggtggg cttggagatga acggccgaca caggttctgc 480
ttccttcggt gctgcggctg tgtgttttct gagcgagcct tgaaagagat aaaagcggaa 540
gtttgccaca cgtgtggggc tgccctccag gaggatgatg tcactcgtgt caatggcacc 600
55 aaggaggatg tggacgtgct gaagacaagg atggaggaga gaaggctgag agcgaattgg 660
aaaagaaaac aaagaaaccc aaggcagcag agtctgtttc aaaaccagat gtcagtgaag 720
aagccccagg gccatcaaaa gttaagacag ggaagcctga agaagccagc cttgattcta 780
gagagaaagaa aaccaacttg gctcccaaaa gcacagcaat gaatgagagc tcttctggaa 840

```

aagctgggaa gcctcgtt ggagccacaa agaggtccat cgctcgtt gaagaatcgg 900  
 aggcctacaa gtccctcctt accactcaca gctccgcaa gcgctcgtt gaggagtcgtg 960  
 cccactgggt caccacacag tcctactgct tctgaagccc gcaactgccac cgctcctgcc1020  
 ccagaaggtt gtttagtttc cacgtaggca ggtcgctttg tgctcttgag tgcgtgctg1080  
 5 tgtgttctct ctatagttct gtgtcataaa gctgtccttg ccagccttca agctggtgtg1140  
 gccactcctg atgtgaggcg tgtcggttcc aggggggaca tgggaggggc tgcacagtgg1200  
 cccgaggtca tgcttgcttc cacttgacag tgcatttggt cctttccatg gccaggaagc1260  
 cctgtgggct gcaacttttta tgcttgacag aacaagagac tccagagtcc tcaccggtgc1320  
 agagttggca catattaatt aactaaaatt ctaatgatct tgctaccagc aataaatcaal380  
 10 gtaggccaaag tgaaactggg ctttaaaaag gatggatttc aaatacactg tgcccactag1440  
 aagcttcgaa gggcctcgtc cctctgctac agccctggga ggagccagga tccttggtgg1500  
 tctagctaaa tactgttagg ggagtgtgcc ccattctcct atttcgaaga tagcagagtc1560  
 atagttgggc acccggtgat tgggttcaaa aataaagctg gtctgcctct tcaaaaaaaa1620  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1638

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1034 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

cgctcgcgct ctgagtgcgt gccgctccgc cgaccgaaga ggctggacat gacaccagtg 60  
 gcatatcacg gccatggggg ctcagcattc cgctgctgct cgcccctcct cctgcaggcg 120  
 aaagcaagaa gatgacaggg acggtttgct ggctgaacga gagcaggaag aagccattgc 180  
 tcagttccca tatgtggaat tcaccgggag agatagcctc acctgtctca cgtgccaggg 240  
 45 gacaggctac attccaacag agcaagtaaa tgagttgggtg gctttgatcc cacacagtga 300  
 tcagagattg cgccctcagc gaactaagca atatgtcctc ctgtccatcc tgctttgtct 360  
 cctggcatct ggtttggttg ttttcttctt gtttcgcgat tcagtccttg tggatgatga 420  
 cggcatcaaa gtgggtgaaag tcacatttaa taagcaagac tcccttgtaa ttctcaccat 480  
 catggccacc ctgaaaatca ggaactccaa cttctacacg gtggcagtga ccagcctgtc 540  
 50 cagccagatt cagtacatga acacagtggg gaattttacc ggggaaggccg agatgggagg 600  
 accgttttcc tatgtgtact tcttctgcac ggtacctgag atcctggtgc acaacatagt 660  
 gatcttcctg cgaacttcag tgaagatttc atacattggc ctcatgaccc agagctcctt 720  
 ggagacacat cactatgtgg attgtggagg aaattccaca gctatttaac aactgctatt 780  
 ggttcttcca cacagcgctt gtagaagaga gcacagcata tgttcccaag gcctgagttc 840  
 55 tgggacctac cccacagtgg gtgttaaggc agagggaagg aattggttca ctttaacttc 900  
 ccaggcaaac attcctcctg gccacttagg gagggaaaca ccttccttat gggttaccat 960  
 ttgttggttg ttcaggaacc aggcggattc agttgcctag gcgtggtgac ccagcaatta1020  
 gtttgggcat tgca 1034

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 947 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

30

35

40

```

cgaggccctg gcatgtgcaa agagtactga gtgggattcc cagcaggata ccatcaagta 60
ctacaccatg cacctgacca cattgtgcaa cacgtgattg gacaacccaa cccagagaaa120
caaggatcag ctgatccggg cagccgtgaa gtttctggac accgacacca tctgctacag180
ggtggaggag cccgagacat tagtggaact tcaaaggaat gagtgggatc caatcatcga240
atgggctgag aaaagatacg gcgtggagat cagctcctcc accagcataa tgggacccag300
catccctgcc aaaactcggg aggtgctcgt cagccacctg gcatcttaca acacatgggc360
tttacaaggg attgagtttg tagctgcccc gctcaagtcc atgggtgctaa ccttgggcct420
gattgacctg cgcctgacag tggagcaggc cgtgctgctg tcacgcctgg aggaggagta480
ccagatccag aagtggggca acattgagtg ggcccatgac tatgagctgc aggagctgcg540
ggcccgacc gccgcggca ccctcttcat ccctctctgc tccgagagca ccacagtcaa600
gcacaagctc ctgaaggagt gaggcctggg cagagcacac tcagcaggat agaggcagtg660
cagccacagc tcccccgcc ttccaggctc cccagcctgt ggggctggct tccttggcct720
ttggggactc ggctcagcg tcacctgag attccccccg agacacagtg cgctagtacg780
gctgtccgga ggtcagcctg atttcaaccc aggtgccccct ggctggcca gcagtgaatg840
taggagatga attgtgcaag tgactttctc tcgactctga ttttattaaa tatttctcca900
ccctggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 947

```

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 497 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

15 ctcgtggcga gagactgaga taaaagagca actcactgaa cacctttgta cgatcataca 60  
 gcaaaatgag ctccgaaagg ccaagaagtt ggaggagttg atgcaacaac tagatgtaga120  
 agccgatgaa gagactttgg agcttgaggt ggaggtcgag agattgctac acgaacaaga180  
 agtagaatca aggagaccag tggttcgttt agagaggcca ttccagcctg cggaggagag240  
 tgtgacatta gaatttgcta aagagaacag aaagtgtcaa gaacaagctg tttcccaaaa300  
 ggtagatgac cagtgtggaa attccagtag catccccctt cttagtccaa actgccccaa360  
 20 tcaagaaggt aatgacattt cagctgcttt ggccacatga agttctggta ttcttttgag420  
 ctaalatggt attgagttaa gtatactttt tgcagtagat catgccctga cctccaataa480  
 aaacctcttt aaaacaa 497

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 269 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

50 cggggagagg tgggctgggc tgcaggctct ggcggttggtc tggatcatcg cgcccgact 60  
 ctgaagtttt ctccgtggcg ctcccttgaga ggggttcctc ctgcatcttg agaataatttt120  
 gcatttcggc tcccttctct tctcgctgcc atcggatgcc ccaaatagggt cctgtccctt180  
 cggatgaatca gacttcggaa accgcctcgc ttcagggtca gagtccaagt acagatgagc240  
 ttgagaggga ttctgaaatg caacggccc 269

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1717 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

25 attctaggac caacactcct gtggagacgt ggaaggttc caaaggcaaa cagtcctata 60
   cctacatcat tgaggagaac actaccacga gcttcacctg ggccctccag aggaccactt 120
   ttcatgagcc aagcaggaag tacaccaatg acgttgccaa gatctactcc atcaatgtca 180
   ccaatgttat gaatggcgtg gcctcctact gccgtccctg tgccctagaa gcctctgatg 240
   tgggctcctc ctgcacctct tgtcctgctg gttactatat tgaccgagat tcaggaacct 300
30 gccactcctg cccccctaac acaattctga aagcccacca gccttatggt gtccaggcct 360
   gtgtgcccctg tgggtccagg accaagaaca acaagatcca ctctctgtgc tacaatgatt 420
   gcaccttctc acgcaacact ccaaccagga ctttcaacta caacttctcc gctttggcaa 480
   acaccgtcac tcttgctgga gggccaagct tcacttccaa aggggtgaaa tacttccatc 540
   actttacctt cagtctctgt ggaaaccagg gtagggttctc caaatctatc acagcctacg 600
35 tcaactgacct cggattcctt gagggtgagt cagggttctc caaatctatc acagcctacg 660
   tctgccaggc agtcatcatc ccccagagg tgacaggcta caaggccggg gtttccctac 720
   agcctgtcag ccttgctgat cgacttattg ggggtgacaac agatatgact ctggatggaa 780
   tccactcccc agctgaactt ttccacctgg agtccttggg aataccggac gtgatcttct 840
   tttataggtc caatgatgtg acccagtcct gcagttctgg gagatcaacc accatccgcg 900
   tcagggtgcag tccacagaaa actgtccctg gaagtttgct gctgccagga acgtgctcag 960
   atgggacctg tgatggctgc aacttccact tcctgtggga gagcgcggt gcttgcccgc 1020
   tctgctcagt ggctgactac catgctatcg tcagcagctg tgtggctggg atccagaaga 1080
   ctacttacgt gtggcgagaa cccaagctat gctctggtgg catttctctg cctgagcaga 1140
   gagtcaccat ctgcaaaacc atagatttct ggctgaaagt gggcatctct gcaggcacct 1200
45 gtactgccat cctgctcacc gtcttgacct gctacttttg gaaaaagaat caaaaactag 1260
   agtacaagta ctccaagctg gtgatgaatg ctactctcaa ggactgtgac ctgccagcag 1320
   ctgacagctg cgccatcatg gaaggcgagg atgtagagga cgacctcatc tttaccagca 1380
   agaagtcact ctttgggaa g atcaaatcat ttacctcaa gaggactcct gatggatttg 1440
   actcagtgcc gctgaagaca tcttcaggag gccagacat ggacctgtga gaggcactgc 1500
50 ctgcctcacc tgccctctca ccttgcatag cacccttgca agcctgcggc gatttgggtg 1560
   ccagcatcct gcaacaccca ctgtggaaa tctcttcatt gtggccttat cagatgtttg 1620
   aatttcagat ctttttttat agagtacca aacctcctt tctgcttgcc tcaaacctgc 1680
   caaatatacc cacactttgt ttgtaaatta aaaaaaa 1717

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 9 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

25

30

35

45

```

ggcagaggta ttacctgaaa acttaaaaga aggcctgaag gaattcttctt ggagttcatt 60
accatgtact aaaaacagac cttttgattt tcattcagtg atggaagagt ctcagtctct 120
caatgaacct agcccaaagc agagtgaaga aataccagag gtcacttcag agcctgtcaa 180
aggaagctta aaccgtgctc agtcagcaca gtctataaat tcaacagaaa tgccctgccag 240
agaggaactgt ttgaaaaaag agtgccctca gaacctgttc tgcagattca agaaaaaggt 300
gttctgctga aaagaaagt gtctctttta gaacaggatg tgattgtaaa tgaagatgga 360
agaaataagc tgaaaaaaca aggagaaact cccaatgaag tctgtatgtt ttccttagct 420
tatggtgata ttccagaaga attaatcgat gtctcagatt tcgagtgttc tctctgcatg 480
agggtgtttt ttgagccagt aacaaccctt tgcggacatt cgttctgtaa gaattgtctt 540
gagcgttggt tagatcatgc accatattgt cctctttgca aagaaagctt aaaagagtat 600
ctagcagata ggaggtactg tgtcacacag ctgttggaag gaattaatag tgaagtatct 660
gcctgatgaa ctgtctgaga gaaaaaaaat atatgatgaa gaaactgctg aactctcaca 720
cttgaccaag aatgttccaa tatttggttg cactatggcc taccctactg tgccctgccc 780
tctccatgta tttgagccaa gatacagatt gatgattcga agaagtatac agactggaac 840
caaacagttt ggcattgtgtg tcagtgtatc acaaaatagt tttgcagatt atggttgtat 900
gttacaattt agaaacgtgc atttcttacc ggacggaagg tctgtggttg atacagttgg 960
aggaaagcgg tttagggttt taaaaagagg aatgaaagat ggatattgca ctgccgacat 1020
tgaatatctg gaagatgtta aggttgagaa tgaagatgag attaagaatc tcagagagct 1080
tcattgattt gtttactctc aagcctgcag ctggtttcag aatttaagag acagatttcg 1140
aagccaaatt cttcagcatt tcggatcaat gcccgagagg agggaaaacc ttcaggcagc 1200
ccctaattga cctgcattgt gttggtggct tcttgagatt ctccctgtag acccagcata 1260
ccagctgtcg gttttgtcaa tgaagtcttt gaaagaacgg ttgaccaaga tacagcatat 1320
actgacctat ttttctagag accaattcta agtaactaac tctttgggat cttccctttg 1380
aaagttgacc cctaattctt gggctgccat ttggttggg 1419
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

15 agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60  
 aagggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgagg agccacagct120  
 aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180  
 gaggaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240  
 cccatgaaag ctgtgggact ggccctgggc atcggcttcc cttgtggtat cctcctcttc300  
 atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360  
 atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggcttc ctcccagagt420  
 gcccgtccc ctgatgttg gtctgggggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480  
 gctattgact gttaagtcc caggtttggc ccagattcca gttcgtgct ctgaggtcca540  
 ccagagggcg catgaagccc aggtgttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600  
 25 ccaccaaagg caaataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660  
 aaaagtcgac c 671

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 524 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

55 aagtgttctc agatgctgat gtttgtaagg tcccgggtgg gccatgagga agaagaggag 60  
 ctgaaggtaa gagactcata aacaagatga ctctttgatg catgaacaag atttgaaaat120  
 ctcaagcctg taaagaatac cctgtctatt taaataaagc tcataccaag aggtaacatt180  
 ttgccccggg ccaaattcag ggtctagtgc cctgcattc ctttgaggca aaaaataaat240

5 gggctatgac tgggtg tg tccaaaaggt gaattctcat ttca gaa caaagacaga300  
 tttgcgcatt cactcagca gaatgtggcc atgaatattc agcc gca tacatacaaa360  
 gatgtacgca tgattcccc caccaagcac acacacagtc acacacgcac acacacacac420  
 atgcacacac gcgcgtgcac acacggacac atgcacacac acacgcacac gtaaacacat480  
 gcacacatgc acacacgtgc acacatgcac acacggacac actt 524

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 345 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear  
 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

30 aaactttctt tctacaaaaa atcaaaagct tagctgatag atcatgaaaa tagattatga 60  
 acagtgaat tcttgagaag gctgaaagt cgaggaaacca aagcagggga gattagcctt120  
 agtccggagg agggagaagc agatggaagt cagcagcctg ccttgttttt acgtgtaata180  
 tttaaatttg caaattgtat tacaggagg cctactttct gtttttatca agagtttttc240  
 35 ttttgttcaa agacactggt tatgggaata ttttgaaagg gtaagaaacg ctggtataaa300  
 aagggtgttg agattaattt tgaaggctct tacggaacca gtccc 345

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1060 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 45 (D) TOPOLOGIE: linear  
 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISM: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

10 ggcgggtccca ggcaggccca gaagctgggc agcctctgcc gggttccggg aaaaggagct 60  
cctgctgcc ctgctcttcc ggagcctgca gcatggggcc cctgccgcgc accgtggagc 120  
tcttctatga cgtgctgtcc cctactcct ggctgggctt cgagatcctg tgccgggtatc 180  
agaatatctg gaacatcaac ctgcagttgc ggcccagcct cataacaggg atcatgaaag 240  
acagtggaaa caagcctcca ggtctgcttc ccgcgaaaagg actatacatg gcaaattgact 300  
taaagctcct gagacccat ctccagattc ccctccactt cccaaggat ttcttgtctg 360  
15 tgatgcttga aaaagggaagt ttgtctgcc tgcgtttcct caccgccgtg aacttggagc 420  
atccagagat gctggagaaa gcgtcccggg agctgtggat gcgcgtctgg tcaaggaaatg 480  
aagacatcac cgaagccgag agcatcctgg cggtgcaga gaaggctggt atgtctgcag 540  
aacaagccca gggacttctg gaaaagatcg caacgccaaa ggtgaagaac cagctcaagg 600  
agaccactga ggcagcctgc agatacggag cctttgggct gcccatcacc gtggcccatg 660  
20 tggatggcca aaccacatg ttatttggct ctgaccgat ggagctgctg gcgcacctgc 720  
tgaggagaaa gtggatgggc cctatacctc cagccgtgaa tgccagactt taagattgcc 780  
cggaggaaagc aaactcttcg tataaaaaaa gcaggccatc tgcttaacct ttggctccac 840  
cataaggcac tgggactcgg atttctctat ctgatagagg tattttctgt ggccctggga 900  
gctgtctgtc ttcccccctac cccaaggat gccaggaaga cgtccaccat tagccatgtg 960  
25 gcaaccttta cttctatgcc tcacaagtgc ctttcagaga gccccaattc tgctttccca 1020  
caaaataaac ctaatgccat caggcaaaaa aaaaaaaaaa 1060

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1721 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

55 ctctctctct ttctgtctct tctcgtctcc ctctctttct ctctccctc tgccctccca 60  
gtgcataaag tctctgtcgc tcccggaaact tggtggcaat gcctattttt tggctttccc 120  
ccgcgttctc taaactaact atttaaaggc ctgcggtcgc aaatggtttg actaaacgta 180  
ggatgggact taaqttgaac ggcagatata ttctactgat cctcgcgggtg caaatagcgt 240  
atctggtgca ggccgtgaga gcagcgggca agtgcgatgc ggtcttcaag ggcttttcgg 300

actgtttgct caag jgc gacacatggc caactacccg cagt ggga cgacaagacg 360  
 aacatcaaga ccgtgugcac atactgggag gatttccaca gctg ccggt cacagccctt 420  
 acggattgcc aggaaggggc gaaagatatg tgggataaac tgagaaaaga atccaaaaac 480  
 ctcaacatcc aaggcagctt attcgaactc tgcggcagcg gcaacggggc ggcggggtcc 540  
 5 ctgctcccg ggttcccggt gctcctggtg tctctctcgg cagcttttag gacctggctt 600  
 tccttctgag cgtggggcca gctccccccg cgcgcccacc cacactcact ccattgctccc 660  
 ggaaatcgag aggaagatcc attagttctt tggggacggt gtgattctct gtgatgctga 720  
 aaacactcat ataggattgt gggaaatcct gattctcttt tttatttcgt ttgatttctt 780  
 gtgttttatt tgccaaatgt taccatcag tgagcaagca agcacagcca aaatcggacc 840  
 10 tcagcttttag tccgtcttca cacacaaata agaaaacggc aaaccacccc catttttttaa 900  
 ttttattatt attaattttt tttgttggca aaagaatctc aggaacggcc ctggggccacc 960  
 tactatatta atcatgctag taacatgaaa aatgatgggc tctcctaatt aggaaggcga 1020  
 ggagaggaga aggccagggg aatgaattca agagagatgt ccacggacga aacatacggg 1080  
 gaataattca cgtcacgctc gttcttccac agtatcttgt tttgatcatt tccactgcac 1140  
 15 atttctcttc aagaaaagcg aaaggacaga ctgttggctt tgtgtttgga ggataggagg 1200  
 gagagaggga aggggctgag gaaatctctg gggtaagagt aaaggcttcc agaagacatg 1260  
 ctgctatggt cactgagggg ttagctttat ctgctgttgt tgatgcaccc gtccaagtct 1320  
 actgccttta ttttccctcc tccctcttgt ttagctgtt acacacacag taatacctga 1380  
 atatccaacg gtatagatca caaggggggg atgttaaag ttaatctaaa atatagcta 1440  
 20 aaaaagattt tgacataaaa gagccttgat tttaaaaaaa aaagagagag agatgtaatt 1500  
 taaaaagttt attataaatt aaattcagca aaaaagatt tgctacaaag tatagagaag 1560  
 tataaaataa aagttattgt ttgaaaaaaa agtgctggtt gtttctacc ccaacctgct 1620  
 ttcttgaccc agttctcagg gaacctgaag ggacacagga tgccggtgat aagctcacct 1680  
 cttcaggaag ccgcttcaag cagacctgcc accttcaagc a 1721

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

50 accctgtggt ccggggtttc tgcagagtct acttcagaag cggaggcact gggagtccgg 60  
 tttgggattg ccaggctgtg gttgtgagtc tgagcttgtg agcggtctgt gcgccccaac 120  
 tcttcgccag catatcatcc cggcaggcga taaactacat tcagttgagt ctgcaagact 180  
 gggaggaaact ggggtgataa gaaatctatt cactgtcaag gtttattgaa gtcaaaatgt 240  
 ccaaaaaaat cagtggcggt tctgtggtag agatgcaagg agatgaaatg acacgaatca 300  
 55 tttgggaatt gattaaagag aaactcattt tccctacgt ggaattggat ctacatagct 360  
 atgatttagg catagagaat cgtgatgcc ccaacgacca agtcaccaag gatgctgcag 420  
 aagctataaa gaagcataat gttggcgctc aatgtgccac tatcactcct gatgagaaga 480  
 ggggttgagga gttcaagttg aaacaaatgt ggaaatcacc aaatggcacc atacgaaata 540

ttctgggtgg caccggtg agagaagcca ttatctgcaa aaatatd cggcttgtga 600  
 gtggatgggt aaaacctat atcatagggtc gtcattgctta tggggatcaa tacagagcaa 660  
 ctgattttgt tgttcctggg cctggaaaag tagagataac ctacacacca agtgacggaa 720  
 cccaaaagggt gacatacctg gtacataact ttgaagaagg tgggtggtgt gccatgggga 780  
 5 tgtataatca agataagtc attgaagatt ttgcacacag ttccttccaa atggctctgt 840  
 ctaagggttg gcctttgtat ctgagcacca aaaacactat tctgaagaaa tatgatgggc 900  
 gttttaaaga catctttcag gagatatatg acaagcagta caagtcccag tttgaagctc 960  
 aaaagatctg gtatgagcat aggtcctatg acgacatggg ggcccaagct atgaaatcag 1020  
 agggaggcct catctggggc tgtaaaaact atgatgggtg cgtgcagtcg gactctgtgg 1080  
 10 cccaagggtta tggctctctc ggcatgatga ccagcgtgct ggtttgtcca gatggcaag 1140  
 cagtagaagc agaggctgcc caccgggactg taaccctgca ctaccgcatg taccagaaag 1200  
 gacaggagac gtccaccaat cccattgctt ccatttttgc ctggaccaga gggttagccc 1260  
 acagagcaaa gcttgataac aataaagagc ttgccttctt tgcaaatgct ttggaagaag 1320  
 tctctattga gacaattgag gctggcttca tgaccaagga cttggctgct tgcattaaag 1380  
 15 gtttacccaa tgtgcaacgt tctgactact tgaatacatt tgagttcatg gataaacttg 1440  
 gagaaaactt gaagatcaaa ctagctcagg ccaaacttta agttcatacc tgagctaaga 1500  
 aggataattg tcttttggtg actaggtcta cagggtttaca ttttctgtg ttactactca 1560  
 ggataaaggc aaaatcaatt ttgtaatttg tttagaagcc agagtttata ttttctataa 1620  
 gtttacagcc tttttcttat atatacagtt attgccacct ttgtgaacat ggcaagggac 1680  
 20 ttttttacia tttttatttt attttctagt accagcctag gaattcgggt agtactcatt 1740  
 tgtattcact gtcacttttt ctcatgttct aattataaat gaccaaaatc aagattgctc 1800  
 aaaagggtta atgatagcca cagtattgct ccctaaaata tgcataaagt agaaattcac 1860  
 tgccttcccc tctgtgccat gacottgggc acagggaagt tctggtgtca tagatatccc 1920  
 gttttgtgag gtagagctgt gcattaaact tgcacatgac tggaaacgaag tatgagtga 1980  
 actcaaatgt gttgaagata ctgcagtcac ttttgtaaaag accttgctga atgtttccaa 2040  
 tagactaaat actgttttag ccgcaggaga gtttggaatc cggaataaat actacctgga 2100  
 gggttgcct ctccattttt ctctttctcc tctggcctg gcctgaatat tatactactc 2160  
 taaatagcat atttcatcca agtgcaataa tgtaaagctg atcttttttg gacttctgct 2220  
 ggctgttttt atttctttta tataaatgtg atttctcaga aattgatatt aaacactatc 2280  
 30 ttatcttctc ctgaactgtt gatttttaatt aaaattaagt gctaattacc attaaaaaaa 2340  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2367

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

### 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1321 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

cctggaaaca agatccaaac ccaagtgacc ccgcccgaag gtgacccagt caggtttaaa 60  
 aattccaaca aaccgacgtg aacaaataga ccgaccaacc aaatatataa tccgtcaaaa 120

```

tacattcact tccat ga aacccaaca aaggggtgtga atggtccc aggagagacg 180
gttttgggtt catcaagtgt gtggatcgtg atgttcgtat gttccacac ttcagtgaag 240
ttctggatgg gaaccagctc catattgcag atgaagtaga gtttactgtg gttcctgata 300
tgctctctgc tcaaagaaat catgctatta ggattaaaaa acttcccaag ggcacgggtt 360
5 catttcattc ccattcagat caccgttttc tgggcacggg agaaaaagaa gccacttttt 420
ccaatcctaa aaccactagc ccaataaaag gcaaaagaga ggaggctgag gatggcatta 480
ttgcttataga tgactgtggg gtgaaactga ctattgcttt tcaagccaag gatgtggaag 540
gtctacttcc tcccaaaata ggagataagg ttgaatttag tattagtac aaacagaggc 600
ctggacagca ggttgcaact tgtgtgcgac ttttaggtcg taattctaac tccaagaggc 660
10 tcttgggtta tgtggcaact ctgaaggata attttggatt tattgaaaca gccaatcatg 720
ataaggaaat ctttttccat tacagttagt tctctgggtg tgttgatagc ctggaactgg 780
gggacatggg cgagtatagc ttgtccaaag gcaaaggcaa caaagtcagt gcagaaaaag 840
tgaacaaaac aactcagtg aatggcatta ctgaggaagc tgatcccacc atttactctg 900
gcaaagtaat tcgccccctg aggagtgttg atccaacaca gactgagtac caaggaatga 960
15 ttgagattgt ggaggagggc gatatgaaag gtgaggtcta tccatttggc atcgttggga 1020
tggccaacaa aggggattgc ctgcagaaag gggagagcgt caagttccaa ttgtgtgtcc 1080
tgggccaaaa tgcacaaact atggcttaca acatcacacc cctgcgcagg gccacagtgg 1140
aatgtgtgaa agatcagttt ggcttcatta actatgaagt aggagatagc aagaagctct 1200
ttttccatgt gaaagaagtt caggatggca ttgagctaca ggcaggagat gaggtggagt 1260
20 tctcagtgat tcctaagagt tcaggcggac tggcagggtc aggcgcctgt agatgttttt 1320
g
1321

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 384 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20

```

ggtcgaatcc aaatcactca ttgtgaaagc tgagctcaca gccgaataag ccaccatgag 60
gctgtcagtg tgtctcctga tggctcgtc gcccttttgc tgcaccagg cccatgctct 120
10 tgtctgcca gctgttgctt ctgagatcac agtcttotta ttcttaagt acgtgcgggt 180
aaacctccaa gttgccaac ttaatccacc tccagaagct cttgcagcca agttggaagt 240
gaagcactgc accgatcaga tatcttttaa gaaacggctt ctcatattgaa aaagtccctg 300
gtgggaatag tgaaaaaatg tgggtgtgtg acatgtaaaa atgctcaacc tgggtttcca 360
aagtcttttc aacggcaacc tgat
384

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 367 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

gggcactggt ggtccggttc ctcaccaaac gattcatcgg tgactatgaa agaaatgcag 60
gtaatctcta tactagacaa gtccagatag aagggtgaaac cctggctctt cagggttcaag120
acactccagg tattcaggtc catgagaaca gcctgagctg cagtgaacag ctgaataggt180
gcattcgcgtg ggcagatgct gtggtgatcg ttttctccat cactgactac aagagctatg240
aactcatcag ccagctccac cagcacgtgc agcagctaca ccttgggcac ccggtgcct300
gtgggtggtc gtgggccaac aaaagtgacc tgttgacacat caaacagggt gaccctcagc360
ttggact

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2621 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-SCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

5  gggcctttgc ccgccttggc ggccggctct acgttccctg ttctgcctg cagctccgcc 60
   atggctccta aaggcagctc caaacagcag tctgaggagg acctgctcct gcaggatttc 120
   agccgcaatc tctcggccaa gtccctccgg ctctctctcg gaaacgcgtt catcgtgtct 180
   gccatcccca tctggttata ctggcggaata tggcatatgg atcttattca gtctgtgttt 240
   ttgtatagtg tgatgacct agtaagcaca tatttggtag cctttgcata caagaatgtg 300
   aaattttgtt tcaagcacaa agtagcacag aagagggagg atgctgtttc caaagaagtg 360
   actcgaaaac tttctgaagc tgataataga aagatgtctc ggaaggagaa agatgaaaga 420
10 atcttgtgga agaagaatga agttgctgat tatgaagcta caacattttc catcttctat 480
   aacaacactc tgttcctggt cgtggtcatt gttgcttctt tcttcattat gaagaacttc 540
   aacccccacg tgaactacat attgtccata agtgcttcat caggactcat cgccctcctg 600
   tctactggct ccaaatagac catgtcagct tcacccctcg gctttgtgtc tatgggtggc 660
   ctgtggtata tggaaaagta gcagggtggg cagggtggga gacacaagat gtttttatag 720
15 tctagagcct ttaaaaaacc cagcagaatg taattcagta tttgtttatt ggctgttttt 780
   tgacagattg ttgaaattaa atgaattgaa agggaaactc agagtactag gacgtttatt 840
   aaaaggaaaa aaatgtcttg caatgtgctg taatcacaag aggagaaaat aacttgtttc 900
   cttgatctgt cagaggtcac agtaacctgg gccgagctgt tattatttat tatataatag 960
   tagtaggaag ttaataactg gttctctgtg ttccaagcac aatattacaa cttcttttga1020
20 accgtaaata tcagaatgaa tctcttccc aggggattga acagaagctt aatgtttaca1080
   agtgtttgaa tttgtgatct gaaataaacac aaaattaaaa acatgatttc tctaattttc1140
   caactagagg aagagaaaact tgtggaaaag ttcttttttt ttctttaaag1200
   aegggcagcc aaggtagtaa cctaaaaata gtgcccaggc atatgagagt tgcctacga1260
   qqttaaaaaa cacactgttc cactgtatgg ctttgcctct gagtgcctac qgaagtcac1320
   ttgacctgac catgttggtt tgacttacta agacacagga atcattgttt tcttgacca1380
   gggctctaca cctggaggga atgttaagta agagaaagaa cctcttctct gaatttgac1440
   atgtaaaaag ccaaagtaat tttctgaac ttctgcaatt ctgagaactc tccaaggaat1500
   ttacagtgat tttagtgtt gtcagcattt ttccatgagg actttcatac atttgactct1560
   ttagttcaca ggttcccatt gattgtgagc aagatattta tctcttttag ccttggggat1620
30 ccagctgaga gcaatctctt gcattttttt acccgtgtat gtacagatat catttcttgt1680
   gtatgccatg acttgaaaaa gtttggggag ctctttaagca atatcagcta aaaggatatg1740
   aaatcacagg tgatagcagt tgtcattcag taatttccta caagcagcac cccaaaggaa1800
   atatagtcct aatctttact atccacttct aaatttaatg tgaatttcat acatgtttatt1860
   agttgttttc ttataaattt tataaaaaat attcatcggg agtttaactt ccacttccat1920
35 gctatcggat gtgttgggct ccattgcaaga acttggaaga aaaacaggga ggaatgcatt1980
   tgcataatga ccagatcat cttttctgac aactgagaat tatatttcat cattgcttct2040
   agaagtctgc aattctttac tttcttttg tgcatatta tctagtgcc atcactggat2100
   aatgtggagt gactagagaa gtcacatata actgtaaggt acagttaggg taacacttta2160
   gaggtttatt atttttaaaa aacttttctt gaactcctgg ccaacatggt gaaaccccgt2220
40 ctctactaaa aataccaaaa ttagccaggc gtgatgggtg gtgcctgtaa tctcagctac2280
   ttgggagggt gaagcaggag aactgcctga acccaggagg cagaggttgc agtgagtcga2340
   gatcgtgcta ctactgcctg ggtggcaagg gtgagactcc atctcaaaaa agaaacaaaa2400
   aaacccaaaa agttttcttt actgttggtt aaaaaaaaaa gccagaccat agtttgactg2460
   gtggcatgga atttgtgtat caaataaatg catttgctta tttgacaaac aaaaagtgtc2520
   cactattggt gaccgagggt gggccgtttt tttgaaattg ggggggaaat ttgcccggtg2580
   gtgggagggg ctttgtgggg ggggaaaaat tgcccccttg g 2621

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2019 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: N

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

ctgtatccta atttcttggg gaatgaactc attctttaaag agaagcaaag atttgaggaa 60  
 aagaggttca aattggacca ctccagtgaat agcaccacat gccacagggt gcagatattt 120  
 caagattggg tgggaactga ccaagataac cttgatttgg ccaatgtcaa tcttatgttg 180  
 15 gagttactag tgcagaagaa gaaacaactg gaagcagaat cacatgcagc ccaactacag 240  
 attcttatgg aattcctcaa ggttgcaaga agaaataaga gagagcaact ggaacagatc 300  
 cagaaggagc taagtgtttt ggaagaggat attaagagag tggaagaaat gagtggctta 360  
 tactctcctg tcagtggaga tagcacagtg cctcaatttg aagctccttc tccatcacac 420  
 agtagtatta ttgattccac agaatacagc caacctccag gtttcagtgg cagttctcag 480  
 20 acaagaaaac agccttggtg taatagcacg ttagcatcaa gacgaaaacg acttactgct 540  
 ctttttgaag acttgagcga gtgttacttt tctacaagga tgtctcgtat ctccagatgac 600  
 agtcgaactg caagccagtt ggatgaattt cagggaatgct tgtccaagtt tactcgatat 660  
 aattcagtag gacctttagc cacattgtca tatgctagtg atctctataa tgggtccagt 720  
 atagtctcta gtattgaatt tgaccgggat tgtgactatt ttgcgattgc tggagttaca 780  
 25 aagaagatta aagtctatga atatgacact gtcattccagg atgcagtggg tattcattac 840  
 cctgagaatg aaatgacctg caattcgaaga atcagctgta tcagttggag tagttaccat 900  
 aagaacctgt tagctagcag tgattatgaa ggcactgtta ttttatggga tggattcaca 960  
 ggacagaggt caaaggtcta tcaggagcat gagaagaggt gttggagtgt tgactttaat1020  
 ttgatggatc ctaaaactct ggcttcaggt tctgatgatg caaaagtga gctgtggtct1080  
 30 accaatctag acaactcagt ggcaagcatt gaggcacagg ctaatgtgtg ctgtgttaaa1140  
 ttcagccctt cttccagata ccatttggct ttcggctgtg cagatcactg tgtccactac1200  
 tatgatcttc gtaacactaa acagccaatc atggtattca aaggacaccg taaagcagtc1260  
 tcttatgcaa agtttgtgag tggtgaggaa attgtctctg cctcaacaga cagtcagct1320  
 aaactgtgga atgtaggaa accatactgc ctacgttcct tcaaggggtca tatcaatga1380  
 35 aaaaactttg taggcctggc ttccaatgga gattatatag cttgtggaag tgaaaataac1440  
 tctctctacc tgtactataa aggactttct aagactttgc taacttttaa gtttgataca1500  
 gtcaaaagtg ttctcgacaa agaccgaaaa gaagatgata caaatgaatt tgttagtgct1560  
 gtgtgctgga gggcactacc agatggggag tccaatgtgc tgattgctgc taacagtcag1620  
 ggtacaatta aggtgctaga attggtatga aggtttaact caagtcaaat tgtacttgat1680  
 40 cctgtcgaat tacatctgca gctgacaatg agagaagaaa cagaaaatgt catgtgatgt1740  
 ctctcccaaa agtcatcatg ggttttggat ttgttttgaa tatttttttc tttttttctt1800  
 tttccctctt tatgaccttt gggacatttg gaatacccag ccaactctcc accatcaatg1860  
 taactccatg gacattgctg ctcttgggtg tggtatctaa tttttgtgat agggaaacaa1920  
 attcttttga ataaaaataa ataacaaaac aataaaaagt tattgagcca caaaaaaaa1980  
 45 aaaaaaaaaa aaaaaagaaa agaagggagg agggaaagg 2019

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

15  gtgggttgctg  tgacaggcac  tatttgaagt  gctttatcat  ggattaactc  ttaatcctca  60
    gctaccgtat  aaagtaggac  ataaccccat  ttcacatgca  ctacactgag  acttgcctcc  120
    tctcccccca  cattgaagat  gttctttttt  cataactata  tactattcca  ttgcatgaat  180
    attctgtaat  ttattttaatc  ccctatggat  tgataaattag  gttcattata  gatagaagtg  240
    taattaacat  tcctgtacat  gtattttgct  acttgtgtgg  gtattttctgt  aggatgaata  300
    actagaaatt  tattggatca  ggtttcacat  ttgcagtttt  gaaaactact  accaaaaaga  360
    tttcaccaat  ttacaactcc  atcattagta  agaatgcctg  tttgcctata  gtctgccaac  420
    cctgaatcct  taaaaatttt  tgccaatctg  gtaggcaaaa  tttctttctt  ttctttgaat  480
    attaatgagg  aggaacatct  tttcatgttt  cttggccatt  tgcatttcct  attatgaatt  540
    gcttttgccc  attttccttt  ttttaattat  gaaagtctaa  tgactacctt  ctcatgtgat  600
    aaaaaacaca  gttctttgaa  tagagagacc  cttttctcca  atgctaccaa  tcacattcca  660
25  cttaccacag  tttaacatac  atcctctagt  cacctttccg  tacgaatata  catacacata  720
    aaaacacttt  ttacataaat  aggatctcat  attctgtagc  tttttaaaaat  tttggtctca  780
    aaaaaagata  acaggctctt  aaattttctt  aatggttgaa  tatgattaaa  tactatgaaa  840
    atgccattat  ttattccctt  aatttttttc  ctctcgctat  tacattgccca  aagtaaacad  900
    cctattcaga  tgtctttgtg  catgtgtgtg  aatatttctt  tagtctggag  tccagtaagg  960
30  tggatttttg  gatcaaaggg  tttgttctct  gtccaccttc  agtcttccca  aaggccttca  1020
    taactgtatt  ttcaccaagt  gtatggagaa  tgttcatttc  cccatataac  catacctaca  1080
    cttgatagtt  tttatctgtt  gggcgaaaaa  gaaccttttc  ttattttgca  tttccctgat  1140
    tataaaaaaa  aatgggtgaga  ttgggggttat  tttcatgttt  attggccatt  tatagtttac  1200
    tgtggattgt  ttgtatccct  tacctgcttt  ctattgggtt  atgtgtggat  atattgtttt  1260
35  tatttgttca  gcatctcctt  ccccatcttc  tggtaacaca  acctttattt  atttgtgggg  1320
    aacctattcc  ctgtggctta  ggtgagcatg  tgaccaggcc  tggcctcctg  agtcccacag  1380
    cttcctagcc  acagtataaa  aagaatgggt  atataactta  agccaggcta  aggaaagccc  1440
    ttaacagaac  ttctgctgga  actactggaa  agaaggcttt  atggagatcc  caggaaacca  1500
40  ggaccatgta  agcctgaatt  tgtgccatgt  ggagagagtc  tgtctgagga  gaaactcgga  1560
    tgctagcaga  aatggaaaaga  gaactaagtt  ctgatgtcat  ttttctggag  gccctagatc  1620
    cagctgtgcc  taaagcctgc  cctacctccg  gactttaaag  ttttgtgagc  caataaagtc  1680
    cctttcttgt  ttaagataat  tgaattgagt  ttctgttctg  attaatatag  gttatttgtat  1740
    ttttcttatt  gatttgtaga  aaacctttgt  aattttaaat  tctagacttt  atgcactata  1800
45  taagttaata  aaattagcat  ggccttccat  gaaaaaaaaa  aaaaaaaaaa  aaaaaaaaaa  1860
    aaaaaa
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1189 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

15 ctagcaagca ggtaaacgag ctttgtacaa acacacacag accaacacat ccgggggatgg 60  
ctgtgtgttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tgttggtctt ctgtgccact 120  
cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaaca gttaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180  
gcacattaca acaaagagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgtgcc gctgccgttc 240  
aaacttgta gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300  
tacatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca tctgctcgga gacgctcctg acaagtcggg 360  
aattttctcta tttctccact ggtgcaaaga gcggatttct ccttgcttct cttctgtcac 420  
ccccgtcct ctccccagc aggtcctctg atttatggta gctttggact tgcttccccg 480  
tctgactgtc cttgaattct agaatggaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540  
ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600  
aagacaaact aaagcaccag catttgaaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660  
atggaatcag cagcggaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720  
25 accagatcca gggtctagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatcttg 780  
aaaaagctga actgcaaata tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840  
ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagcag 900  
aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccctgacct tccaaagtcc tacatacctt 960  
ctaggttaag gaaggagata aatgaggaaa aagaagatga tgaacaaaaat aggaaagctt 1020  
30 tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaggac tggagaaagt acagttctgt 1080  
cttcaatacc tctgccatca gatgacttta aaaggctccag gagtaaaagt ttatgatgat 1140  
gggcaaaaagt ccagtgtatt cagtaaaagt ctaatcacia gttggaggt 1189

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1418 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ- BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

gagctcgag ctccgccggc gectggtecc agcgcccgcg gcgcgcgctc cccggcccaa 60  
 ccattggcgtc ctccgccggc ggctgctgtg tgatcgttg cagtggagtc attgggagaa 120  
 5 gtgggccatg ctgtttgcca gtggaggett ccagggtgaa ctctatgaca ttgagcaaca 180  
 gcagataagg aacgccctgg aaaacatcag aaaggagatg aagttgctgg agcaggcagg 240  
 ttctctgaaa ggctccctga gtgtggaaga gcagctgtca ctcatcagtg gttgtcccaa 300  
 tatccaagaa gcagtaagag gtgccatgca cattcaggaa tgtgttccag aagatctaga 360  
 actgaagaag aagatttttg ctccagttaga ttccatcatt gatgatcgag tgatcttaag 420  
 10 cagttccact tcttgtctca tgccttccaa gttgtttgct ggcttggtec atgtgaagca 480  
 atgcacgtg gtcctcctg tgaatccgcc atactacac ccgctggttg agctgggtccc 540  
 ccaccggag acggccctca cgacagtga cagaaccac gccctgatga agaagattgg 600  
 acagtgcctc atgcgagtc agaaggaggt ggccggcttc gttctgaacc gcctgcaata 660  
 tgcaatcac agcgaggcct ggccgctagt ggaggaagga atcgtgtctc ctagtacct 720  
 15 ggaccttgc atgtcagaag ggttgggcat gcggtatgca ttcattggac cctggaaac 780  
 catgcatctc aatgcagaag gtatgttaag ctactgcgac agatacagcg aaggcataaa 840  
 acatgtctca cagacttttg gaccattcc agagttttcc agggccactg ctgagaaggt 900  
 taaccaggac atgtgcatga aggtccctga tgaccggag cacttagctg ccaggaggca 960  
 gtggaggagc gagtgcctca tgagactgc caagttgaag agtcaagtgc agccccagt 1020  
 20 aatttcttgt aatgcagctt ccactcctct cattggaggc cctatttggg aacactgcaa 1080  
 gcccttaatc agccctctgt gacataggta gcagcccacg gagatcctaa gctggctgtc 1140  
 ttgtgtgcag cctgagtggg gtggtgcagg ccggtagtct gcccgtcact ttggatcata 1200  
 gccctgggac tggcggcaca gcagcacttg cgttctcggg gctgtcgatt tctgccacc 1260  
 tgggcagata acctggagat ttccacctt tctttttcag cttgattgca tttgagtat 1320  
 atttgacagc cagtgattgt agttttcatg ttaatatgtg ggcaaaatat ttttgaatt 1380  
 atttttgtaa tccctttctg agtaatctgg gggtcctt 1418

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 814 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

gcagcaacgg ggtgcggcag ggtggggaac gcgggagggg gccagctccc aggaaagctg 60  
 gtctgcgagc ggccctgccc cggtcccag gtccctgcgc gaccccgccc ttcccgagac 120  
 cccagccggg ctgccgcccg cgtcccggaa gctccagcct gaaccatgtt ttccacttgt 180  
 55 ggcccaaatg aggccatggt ggtctccggg ttctgcccga gcccccagc catggtggct 240  
 ggagggcgtg tctttgtcct gccctgcctc caacagatcc agaggatctc tctcaacaca 300  
 ctgaccctca atgtcaagag tgaaaagggt tacactcgcc atgggggtccc catctcagtc 360

actggcattg cccaggt gcttttcagag ccttttcccc acagtc tccccatcac420  
 cctctctccc agacattag acatcttctg gccacagtct tctcaaccct tgccctgcaga480  
 gaagttcctc tgctagtctc atcttttcca ggcaccccaa ggcacttgcc tctcctcct540  
 5 tcttttccct gaaatggaag aagcatttct gagagggtct tcccttctct ctctgctttt600  
 cctctgactt catgagaccc ccaccacacc tttcctaccc ctactctggc tacaggtaaa660  
 aatccagggg cagaacaagg agatgttggc ggccgctgt cagatgttgc tggggaagac720  
 ggaggctgag attgccaca ttgccttggg gacgttagag ggccaccaga gggccatcat780  
 ggccacatg acttgtggga ggggtgggct taga 814

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 3039 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

35

gaactgagat attgtaatca aatagttaac atcaggaagt taatttggct ggcaaaattc 60  
 tagggaaact tggccagaaa actggtgttg aaggcttttg ctcatataaa caagtgccat 120  
 tgagtttcaa atgaccagca aatatattta gaacccttcc tgttttatgt ctgtacctcg 180  
 tccaccctc aggtaatacc tgctctcac aggtacagct gtttcttggg aatcctccaa 240  
 ccaaatagca gttttcttaa cttgattagc ttgagctgac agactgttag aatacagttc 300  
 tctggccaca gctgatgagg gctttctgta ctgcacacag atttgtgtact gcaccccgat 360  
 ccaggtgact ggtaccact cgagttgtgc cgtgcaaaac ctgtccagta tatgcatgtg 420  
 gtggccctac tgactggtaa tgggttagagg catttatgga ttttaagctt tgaggaaaaa 480  
 ccatgacttt taacaaattt ttatgggtta tatgcctaaa cccttatgcc acatagtggg 540  
 aaataattat gaaaaatggg ctgttcataa ttggtagggt ccttttgtga gcaggaggca 600  
 45 taattatttg tttattatgg taattatggg gatTTTTTaa atatcatgta atgttaaaac 660  
 gttttctaac agtttactgt tgcttatctc caagatatta tgggaattaag aatttttcca 720  
 gatgagtgtt acatagattc tttgaattta gtataaaagt actgagaatt aagtttgtac 780  
 ttccataagc ttggatttta aacactgata gtatctcatg agtaatgtgt gttttgggag 840  
 agggagggat gctgattgat atttcacatt gtatgaaata ccatgtttga aactcatagc 900  
 50 aataatgcta tgctgttggt atccctctca agttctgcat ttaaaatata ttttttcttt 960  
 ataggaattg atgtatacca tgaagtcatt gtcagttgta gtagctctga tgttgaatga1020  
 gatatcatgt tttagcattc cattttactg actagggtag aagaacactt ttcttggcta1080  
 catttgaggg ataccagagg agtcttgggt gttccttatc tggggaagca aacattttcac1140  
 tagtctcttt ttttcatcct ttaaattgta aattaaggat tactcaagct caccattatt1200  
 55 caagattggg actcgcttcc cagtcgacac tctgcctgct ctgtcattgc tgcaagagac1260  
 tgctgctttg ccaacctaag caaagaaaat acggcttctc ttgcattatt ttcccttttg1320  
 gttggtttgt tttctagaag tacgttcaga tgctttgggg aatgcaatgt atgatttgc1380  
 agctctctca ccacttaact cactgtgagg ataaatatgc atgctttttg taattaactg1440

gtgcttttgaa aatc ttt aaggaggagaaa aatctcaacc aaa tgc tcatccagac1500  
 aagctgacct ttgagttaat ttcagcacaa ctcattcttc agtgcctcat gactgaaaac1560  
 aaaaaacaaa aaaacgaaag catcttcaca atgaagcttc cagatagcac cgttttgcta1620  
 aaagatacat tctcattgtt ttccaacagt gatggcttcc acataaggtt aaacaaacta1680  
 5 ggtgcttgta aataatttat tacagtttac tctatcgcat ttctgtaaca tgaaatgcat1740  
 gcccttcttc aggggaagac tgtggtcaag ttaaaaaaaa aaaacaatat taaacaacat1800  
 gaaactgcag tctgtttttg aaaatgagaa tgtcctaagt gattcagaag agaggaggga1860  
 agttgtgcac tctgaaaatg catgaaaaac aaaggcaaaa actagtggga aatgtgtaga1920  
 actgttaact gagacggctt cgagctcttc ttctggaatc tgttaaattt cacaaagtca1980  
 10 tgagggtaaa tggagaaaat atttctggga ttacaatgaa tgtaagccca aattgtggaa2040  
 ttgccagtaa cctggatggg gaaaagcatt tcccatagca ctccatgtaa tatgagtgtc2100  
 ctgtgagatg ttcatcagtg ttttatagaa atgggtgttg tgggaaacca agtttgcacc2160  
 tggaaaactta caatgcactt tagcgcaagta agggcttggc atccggtagt gaaaaactgt2220  
 ctaaccacgc attgcccaaa ctattttgac accaggacct ttttctcctt tgggatactt2280  
 15 atgaacctct cactaatgtc ctgtggagaa cattttggga aacactatgt tagatagttc2340  
 ttttaaggaga caaaacggtg atgaacagat agcactgggg cagaatatgc atgcattttg2400  
 taacgtccag tgtggcgttg aatagatgtg tatctctcc cctgcagaaa ataagcacag2460  
 aaaattataa tgtaggtgat cggagctctt tcctttgata gagagaacag cccaatgat2520  
 cctggctttt tcaactgaacg tatcagaata catggatgaa ttggggtaaa taagggttta2580  
 20 attcagatct agaagaaagt attgtacgtt tgaatgcaga tttttatcca cagatagtgt2640  
 tagtgttttag acatgacagg acctatcgtt gaggtttcta agacttacta tgggctgtaa2700  
 acctgttttt taaaactatt ttagaaacct gagacttgcc gtctggcatt ttagtttaat2760  
 acaactaat gattgcattt gaaagagatt cttgacctta tttctaaacg tctagagctc2820  
 tgaaatgtct tgatggaagg tatttaacta tttgcctgtt gtacaaagaa atgttaagac2880  
 tegtgaaaag aattactata aggtactgtg aaataactgc gattttgtga gcaaaacata2940  
 cttggaaatg ctgattgatt tttatgcttg ttagtgtatt gcaagaaaca cagaaaatgt3000  
 agttttgttt taataaacca aaaattgaac ataaaaacc 3039

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1448 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 35 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

55 taccaatctg aagggggaag cggcgccgcc atgcctccc ggcgtccct ccccgactcc 60  
 taagtccctt gccgccacc atgtccgctt cggtgtctt cattctggac gttaagggca 120  
 agccattgat cagccgcaac tacaaggcg atgtggccat gagcaagatt gagcacttca 180  
 tgccctttgt ggtacacggg gaggaggaag ggcctctggc cccgctgctg agccacggcc 240  
 aggtbcactt cctatggatc aaacacagca acctctactt ggtggccacc acatcgaaga 300

```

atgccaatgc ctccctg tactccttcc tgtataagac aataga ttctgcgaat 360
acttcaagga gctggagg gagagcatcc gggacaactt tgtcatcgtc tacgagttgc 420
tggacgagct catggacttt ggcttcccg agaccaccga cagcaagatc ctgcaggagt 480
acatcaactca gcagagcaac aagctggaga cgggcaagtc acgggtgccca cccactgtca 540
5 ccaacgctgt gtccctggcg tccgagggtta tcaagtataa gaagaacgag gtcttcattg 600
atgtcataga gtctgtcaac ctgctgggtca atgccaacgg cagcgtcctt ctgagcgaaa 660
tcgtcgggtac catcaagctc aaggtgtttc tgtcaggaat gccagagctg cggctgggcc 720
tcaatgaccg cgtgctcttc gagctcactg gccgcagcaa gaacaaatca gtagagctgg 780
aggatgtaaa attccaccag tgcgtgcggc tctctcgtt tgacaacgac cgcaccatct 840
10 ccttcacccc gctgatggg gactttgagc tcatgtcata ccgcctcagc acccagggtca 900
agccactgat ctggattgag tctgtcattg agaagttctc ccacagccgc gtggagatca 960
tggtcgaaggc caaggggcag ttttaagaaac agtcagtggc caacggtgtg gagatatctg 1020
tgccgtgtacc cagcgatgcc gactccccc gattcaagac cagtgtgggc agcgccaagt 1080
atgtgccgga gagaaacgtc gtgatttgga gtattaagtc tttccgggg ggcaaggagt 1140
15 acttgatgcg agcccacttt ggccctccca gtgtggaaaa ggaagagggtg gagggccggc 1200
ccccatcgg ggtcaagttt gagatccctt acttcaccgt ctctgggac caggtccgat 1260
acatgaagat cattgagaaa agtggttacc agggccctgc cctgggggtt cgctacattc 1320
accagagtg ggcgattacc aactttcgtt accagctagg aaggggagaa gagatggggg 1380
ggttttaaca cgggggttgc tttacagccc cggatgcaga tttttagaag ggagggcagg 1440
20 tgcgggtt 1448

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1394 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

45 atgaatacaa ggctgcaagt ggaacatcct gttactgaga tgatcacagg aactgacttg 60
gtggagtggc agcttagaat tgcagcagga gagaagattc ctttgagcca ggaagaaata 120
actctgcagg gccatgcctt cgaagctaga atatatgcag aagatccctag caataacttc 180
atgcctgtgg caggcccatt agtgacctc tctactctc gagcagacc ttccaccagg 240
50 attgaaactg gagtacggca aggagacgaa gtttccgtgc attatgacc catgattgcg 300
aagtgggtcg tgtgggcagc agatcgccag gcggcattga caaaactgag gtacagcctt 360
cgtcagtaca atattgttgg actgccacc aacattgact tcttactcaa cctgtctggc 420
caccagagt ttgaagctgg gaacgtgcac actgatttca tccctcaaca ccacaaacag 480
ttgttgctca gtcggaaggc tgcagccaaa gactctttat gccaggcagc cctgggtctc 540
55 atcctcaagg agaaagccat gaccgacact ttcactcttc aggacatga tcaattctct 600
ccattttcgt ctagcagtgg aagaagactg aatatctcgt ataccagaaa catgactctt 660
aaagatggta aaaacaatgt agccatagct gtaacgtata accatgatgg gtcttatagc 720
atgcatgattg aagataaaac tttccaagtc cttggtaatc tttacagcga gggagactgc 780

```

5 acttacctga aatggtgt taatggagtt gctagtaaag cgaaatt atcctggaaa 840  
 acactattta cctatttcc aaggaaggaa gtattgagat tgacccca gtcccaaat 900  
 acttatcttc tgtgagctca caagaaactc agggcgccc cttagctcct atgactggaa 960  
 ccattgaaaa ggtgtttgtc aaagctggag acaaagtga agcgggagat tccctcatgg1020  
 ttatgatcgc catgaagatg gagcatacca taaagtctcc aaaggatggc acagtaaaag1080  
 aagtgttcta cagagaagggt gctcaggcca acagacacac tccttttagtc gagtttgagg1140  
 aggaagaatc agacaaaagg gaatcggat aaactccagc aaggaaatgg ccagttaagt1200  
 agtgtcttct ctctccacca aaaagaggaa gtgcctccag cttttctggg ggtctcataa1260  
 agagcagttt tactaaatga ttgtatgctt atgctgaaca cttttcatat tggagaatca1320  
 10 tgcatttggtg tcaactaatta tctcaaaata tttcatacta ataaagttga attatttttt1380  
 attggaagcc aaaa 1394

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

gccgacaaga tgttcttctg gctcttctccg gctgcggggc gagtagtcgt ccgacgtctg 60  
 gccgtgagac gtttcgggag ccgaggtctc tccaccgcag acatgacgaa gggccttggt120  
 ttaggaatct attccaaaga aaaagaagat gatgtgccac agttcacaag tgcaggagag180  
 aattttgata aattgttagc tggaaagctg agagagactt tgaacatatc tggaccacct240  
 ctgaaggcag ggaagactcg aaccttttat ggtctgcac aggacttccc cagcgtggtg300  
 ctagttagcc tcggcaaaaa ggcagctgga atcgacgaac aggaaaactg gcatgaaggc360  
 aaagaaaaca tcagagctgc tgttgacagc ggtgacaggc agattcaaga cctggagctc420  
 tcgtctgttg aggtggatcc ctgtggagac gctcaggctg ctgcggagg agcggtgctt480  
 45 ggtctctatg aatacgaatg cctaaagcaa aaaaagaaga tggctgtgtc ggcaaagctc540  
 tatggaagtg gggatcagga ggcctggcag aaaggagtcc tgtttgcttc tgggcaagaa600  
 cttgggcacg ccaatttgat gggagacgcc agccaattga gattgacgcc aaccagattt660  
 tgccgaaatt atttgagaag attttcaaaa ttggtagtta gttaaaaccg aggtcctttt720  
 cagaccccaa tttt 734

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 692 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

55

## (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

tgcagcgcgt gcgtgctgcg ctactgagca gcgccatgga ggactctgaa gcactgggct 60  
 tcgaacacat gggcctcgat ccccggtcc ttcaggctgt caccgatctg ggctggtcgc 120  
 gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg 180  
 ctcgggcccg cacgggctcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt 240  
 tgctccatag gaaggcgaca ggtccggtgg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg 300  
 ttctaccacaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact 360  
 25 gtgctcggga tgtccgagtg gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag 420  
 ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact 480  
 tgcagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact ccctggagct tttggtggtg gacgaagctg 540  
 accttctttt ttcccttttg ctttgaagaa gagctcaaga agtcttcctc tggtcacttt 600  
 gcccccgat ttttaacaagg cttttctcat gtcagctact ttttaacgagg acgtacaagc 660  
 30 actcaaggag ctgatattac ataagccggt at 692

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 571 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

ctgccacgca cgactgaaca cagacagcag ccgcctcgcc atgaagctgc tgatgggcct 60  
 catgctggcg gccctcctcc tgcactgcta tgcagattct ggctgcaaac tcctggaggal20  
 5 catggttgaa aagaccatca attccgacat atctatacct gaatacaaag agcttcttcal80  
 agagttcata gacagtgatg ccgctgcaga ggctatgggg aaattcaagc agtgtttcct240  
 caaccagtca catagaactc tgaaaaaactt tggactgatg atgcatacag tgtacgacag300  
 catttggtgt aatatgaaga gtaattaaact ttacccaagg cgtttggtc agaggggtac360  
 agactatggc cagaactcat ctgttgattg ctagaaacca cttttctttc ttgtgttgct420  
 10 tttttatgtg gaaactgcta gacaactgtt gaaacctcaa attcatttcc atttcaataa480  
 actaactgca aatcacaaaa aaaaaaaaaa gtcgacg 517

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 322 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

40

tcaagctgtg ggtgagaagc tctctagcag ggactctgac cttatggagg atcgctgttt 60  
 ccccatTTTT tccttttcac ccaaaaaagt cctgcttctg tcacccttca aacagcctgt120  
 gagcctaaat ttttgtggcc atgggacaga caaggacccc gtcttcagct gaactaaggal80  
 aaagtccctgc gacatctttg gccatcaaac tccaaccagc tcaccaacc agagcctctg240  
 aggaatggcc cttcttggcg gggaaccctt tacaatgggc ctcttgactg atgtttcccc300  
 aaaacagtgc ccctgtcatc ag 322

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1559 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

15 gcacgagttg agagtgagtg tgtgtgtgtg cgtgtgcacg tgcacacatg tgcacgggtg 60  
tatgtatggg aaataaactt ataaatgggg acgtattgga gaaggaaata catagaccta 120  
caactttgag caaatagcag tgatgtttta ggaactgaaa tgcacacatt aaagtcttca 180  
gccagctac ttccctattt ttggcgggga gaagaggggc tgattagaac tgttctggtt 240  
gtgtttggcg ggagggaat aatttttgtt cagtccttct tagtgacca actttaattt 300  
ttaagaataa tatattgact tactgaactg aagcattctg agttgaaagg agctccagag 360  
gagtggagtt ctgtgttgct cacatgttaa aagcttgctc accttcagag cagaggggaat 420  
acctatcttc agatatccgc ccattttcat ctcttcatta tagtcaaaca gtgtgacttg 480  
agagtgttgc tctggtgtct gtattctggc ttatgaagat tatttgaaaa agaactctta 540  
ctacattgaa atgcagactt ttaaaaattc aaatattgga ttaggcagtc aaaaaaccaa 600  
acaagcataa aaggtcaata agttgtaatc ttaaaagtaa aggtggaaaa ctctattataa 660  
25 atggaagaaa agttttgatt tccttttttg tttgatgggc agtatgccat attataacca 720  
aagttctttt aaaaaatatt tccatcaacc atttttattt aaaataaaca tttgagggaa 780  
gttaccaagg cagctttttt cctcaaaagt aacctgttcc tctttggaat agcacatttt 840  
aggggcatgg ttaataacctg agatttttac tcagtaaatc ctgatggta ctgtgtgtaa 900  
aatatcttta agtaggattg aaggcctctg tgggggaata aaatattacc aaagtctata 960  
30 aaaataaatt ttacatgttc tcttttatga cagagagcag cactggttct gttattttta1020  
aaatgaataa ttgatttctt gatagggtt taatatttct tccctcactg ctgattctta1080  
gatagaaac attctttata tttgatagac tgctttcaga aaaccttat caacaagtgt1140  
acaatactta tctaaaacta tacatttaga atggagcagt ttaatactag atctcagaag1200  
ttttgaaaaa tagcaagaa gactggattt ggaaagcatg gtctacaatt ggttggttaa1260  
35 ttctgaagct atgaagaata aatgtttcaa ctttgatta tgaaacccca tttatgattt1320  
tttaaataca cttgaaataa aaatgattaa actaaatttt ggtccagtga cattactttg1380  
cactgcataa tccattatac gttgtacgac tttttttttt ggtttgaatt aataactgag1440  
agttttgtgt gaagctacgg catatctaac cggagaattt cggatgcctt atacggtgat1500  
tatattatat gggggcattt gtagtgcagc ggaagacgga atttatgcct ttgggaaac 1559

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1072 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

10 cacacgtgct gacggcgggg acattcacat ccataagaag aaatctcagc aagtgttcgc 60
   gtcccccaagt aaacacccca tggacagcaa gggggaggag tccaagatca gctaccccaa 120
   catcttcttc atgattgaca gtttcgagga ggtgttcagc gacatgaccg tagggaagga 180
   gagatgggtct gtgtggagct ggtggctagt gacaaaacca acacgttcca ggggggtcatc 240
   tttcagggtct ccatccgcta cgaggcgctc aagaagggtg atgacaaccg ggtgagcgtg 300
   gccgcccgc tggcacagaa gatgtcgttt ggcttctaca agtacagcaa catggagtgt 360
15 gtgcgcacatg agggccccc gggcaagggc cagcccgaga tggcggtcag ccgagtgtct 420
   acaggtgaca cagccccctg tgggactgaa gaggactcca gccagcttc gccatgcac 480
   gagcgggtga cctccttcag cagaccccc accccagaac ggaacaaccg gcctgccttc 540
   ttctcccat cctcaagag gaaggtgcc cggaaccgga tcgctgagat gaagaagtcg 600
   cactcgcca acgacagca ggagttcttc cgggaggacg acggtggagc cgatctgcac 660
20 aatgcaacca acctgcggtc tcggtccctg tcgggcacag gacggtccct ggtcgggtcc 720
   tggctgaagc tgaacagagc agatggaac ttcttctct atgcacactt aacctacgtc 780
   acgttgccgc tgcacatgat ttaacagac atcctggaag ttccgcagaa gccatcctg 840
   atgacctagc cgcgtgcgga gcctgcgcag agccccggcc gggcccagcc ctcgagatgc 900
   tgccaagtgc ctacctgtcc accgccaccg gggtctgcga tggcacgcca gtgttgagc 960
25 cgcagccagg cgaggccact cgactgccg ggccggggcc gactgcacga acaccagccc 1020
   aaactgaagt gcctctgacg ggcctgctg gcgtgcttc cgcctgtgc cc 1072

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
     (A) LÄNGE: 454 Basenpaare  
     (B) TYP: Nukleinsäure  
     (C) STRANG: einzel  
     (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
     hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
     (A) ORGANISMUS: MENSCH  
     (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

55 gtgctgcatg gagtgagtgg cggcatccac cgtgaggagg agaggagctc tgataccctc 60
   aggaccggcc aggaggggca tcacggaggc ttctggacga cttggagctg tgctctgggg 120
   agaaaaccgc tcctgtgtgg gccctgagtg ctgaggagga agctgccatg cacttttccc 180
   tggcattttt cctgcatggt tcgtctgttt ttttgcaaat aacatgttgt catgaatttt 240
   tatgcatgag gcatatttca tcatgtctgt atgctgaagt ccccttcac ctttcaattg 300

```

```

gttggtggac aggagag( ) ggtccaaggt gccctacatc gtgcgc( ) gccgtgggag360
gagatcgagc gccgaggcac ggaggagggt ggcatctacc gcatgtctgg ggtggccgca420
gacatccagg cactgaaggc agccttcaac gtca 454

```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 700 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 10 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA  
 15

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```

30 cttgtcggag ccctaaccag gggatatctct gagcctgggtg ggatccccgg agcgtcacat 60
cactttccga tcacttcaaa gtgggttaaaa actaatatctt atatgacaga agaaaaagat120
gtcattccgt aaagtaaaca tcatcatctt ggtcctgggt gttgctctct tcttactggt180
tttgacccat aacttcctca gcttgagcag tttgttaagg aatgagggtta cagattcagg240
aattgtaggg cctcaaccta tagactttgt cccaaatgct ctccgacatg cagtagatgg300
gagacaagag gagattcctg tggtcacgc tgcattctgaa gacaggcttg ggggggccat360
35 tgcagctata aacagcattc agcacaacac tcgctccaat gtgattttct acattgtttac420
tctcaacaat acagcagacc atctccgggtc ctggctcaac agtgattccc tgaaaagcat480
cagatacaaa attgtcaatt ttgaccctaa acttttggaa ggaaaagtaa aggaggatcc540
tgaccagggg gaatccatga aacctttaac ctttgcaagg ttctacttgc caattctggg600
ttcccagcgg caaaggaagg cccgtttaca tggggttgat gatgttattt gtggcagggtg660
40 ggattttttg ccctttacat tacagcagtg aggccggggc 700

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 914 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  
 55

(iii) ANTI-SENSE: ZEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

ccggcctgcg gtgggcagca gctcagggtc tccaaatcat tgcgtagttc cgaataccct 60
cgccacacac tggccttctc catgctcgga ataacttctt gcagcgacca acaggctaaa120
gagggggaag ggatccagca ccggctcttc ctccggcaac cacggtggga gcggcgagg180
aaatggacat aaaccgggt gtgaaaagcc agggaatgaa gcccgcgga gcgggaaatc240
tgggattcag ggcttcagag gacagggagt ttccagcaac atgagggaaa taagcaaaga300
gggcaatcgc ctcttggag gctctggaga caattatcgg gggcaagggt cgagctgggg360
cagtggagga ggtgacgctg ttggtggagt caatactgtg aactctgaga cgtctcctgg420
gatgtttaac tttgacactt tctggaagaa ttttaaatec aagctgggtt tcatcaactg480
ggatgccata aacaagaacc aggtcccggc cccagcacc cgagccctcc tctacttcag540
ccgactctgg gaggatttca aacagaacac tctttctctc aactggaaag caattattga600
gggtgcggac gcgtcatcac tgcagaaacg tgcaggcaga gccagtcag aactacaatt660
acaaccagca tgcgtatccc actgcctatg gtgggaagta ctacgtcaag accoctgcaa720
agggggggag tctcaccttc ttctctggct tcccgggtgc aacctgggac tgcttgcaat780
tgggtgaagt tttggtgaag caatttcttg caaccaacca ccgaaggccc cggaaaaagc840
actgggttcg tcaagggaag ctcttctccc ctttggggcc cccagccttg tggcaggccc900
ctgggcccgg gttg
914

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1669 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

gagctgcagc agagcaggta acagctcttg cactgttttc tcttgacact gacgtgcagc 60
tgctctacc cactctctct ggctgagcct tgcctgatac agcagcccgg aggcaccact 120

```

tgcttcccga gtctcad cccaggcagc tctacactc aactgcl ctaggaaagg 180  
 tctcacctcc agcctggagc agtcgggatt acagaaagcc ccataccttg cttaggaggc 240  
 gccatgacga ctgaaattgg ttggtggaag ctgaactttcc tccggaaaaa gaaatccact 300  
 cccaaagtgc tgtatgagat cctgacacc tatgccaaa cagagggaga tgcagaaccc 360  
 5 ccgaggcctg acgctggagg ccccaacagc gactttaaca cccgcctgga gaagattgtg 420  
 gacaagagca caaagggcaa gcacgtcaag gtctccaact caggacgctt caaggagaag 480  
 aagaaagtga gagccacgct ggcagagaac cctaacctct ttgatgatca cgaggaagga 540  
 cggtcaccaa agtgaagggc tgaggagggt gctagcacct cttggctccc tgccatcagc 600  
 cagatctgag acaggacott gccacgctgg cctctttggc catagctgaa gctgtggggc 660  
 10 cagttgatac ctgctggcag gaaatggctg ttttttaggt ttgtatttat gtgccgccac 720  
 ttttgtaagg cctgggagat ccagggtcc tccacctcc ccctgaccac atacaaaggc 780  
 actctagttc aagagtgaag agtctcacc aggaggaaca gccctccttg aagcaatggc 840  
 agggccagca gggaggtggg catggcaggg aatggagaga gtgagccaga cagacttcac 900  
 ctcttactg gacacagggt caaggcgag tttcaattgc tgctcccttt actttctcta 960  
 15 cctgtgacta ctccctggac caatcctgag gagggcacat tttccagaag ccacgtgata 1020  
 ggggctggtt tctgtggagc cagaggcaga gacactgaac ttgagctcac ctctaacac 1080  
 cggcagtaaa ctctctggaa ctttgccctc aggtgcggag gggacagagg accctggcac 1140  
 tctgttaggg tgctgtagaa gactagattg atggtagttt ggctgttag ttctgtttt 1200  
 ggccatgact tttgcagatg gcaagtcaca caccctcaa gggaagctac acggggccaa 1260  
 20 tcgggggagt ggggtgggaa ttttctctc tccctttcct actataatag tatttaagac 1320  
 atatcagctc cagagatgag tctggagcc ttgaattttg tttacaaaa taattgtagg 1380  
 tttctctctg taataacaac gctggaaagg cagagaacct cttttatgct catgtcttg 1440  
 atttattgag atgactgttt ctcatgcctt tatgttctt catgtaagta aagtggacct 1500  
 ttgtgctcaa aaaaaaatt tcaagcttca ggaagggtt cccaagggtg gacaatgtag 1560  
 gaacctgggt cactaattt taccatcaaa cctagcctta gtatgggat ggggcaagca 1620  
 gaaggagcta gttacacctc agtggtcagt tctctccagt caacagaga 1669

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

### 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 355 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

55

ccggcctccc ctcgctctga ggctcgggggt cccagctcc gcgtaaactg cacgatttcg 60  
 cctctgtctc agctccctc tgccccctt tccaagaga gacttcaga tccacattt 120  
 tcttgactga ttttgaagct gtctgtttgc attctgattg ggaacactgg gatcattttc 180  
 atcatgccga cagtgggtgg aatggatgta tccctttcca tgaccggacc tgtgtctatt 240  
 gaggggctcg aggaatacca gcgtaagacc tagcagccca tggtttaacg atgcttggtt 300  
 tgagcacatg gccacaaatt acaagcttga atttacagca cttgtggttt ttcca 355

## (2) INFORMATION: BER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2628 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42

```

25  ggggtgcgcct gcttttcgcc tctttctcca gcgggagggg cgcggacttc cgcggggcgg 60
    agtcctgtcta gtgctgacgt tggcagccga acccaaagta gatcgaggcg gcgggctgca 120
    cattcccgtt gttgcgttgc gtttccttcc tctttcactc cgcgctcacg gcggcgccca 180
    aagcggcggc gacggcgggc cgagaacgac ccggcgccca gttctcttcc tctgcgcac 240
    ctgccctgct cggtcagtca gtccggcgcc ggcgcccggc ttgtgctcag acctcgcgct 300
30  tgcggcgccc aggccagcg gccgtagcta gcgtctggcc tgagaacctc ggcgctccgg 360
    cggcgcgggc accacgagcc gagcctcgca gcggtccag aggaggcagg cgagtgagcg 420
    agtccgaggg gtggccgggg caggtggtgg cgccgcgaag atggtcgcca agcaaaggat 480
    ccgtatggcc aacgagaagc acagcaagaa catcaccag cgcggaacg tcgccaagac 540
    ctcgagaaat gccccgaag agaaggcgct tgtaggacct tggttattgg ctctcttcat 600
35  ttttgttgct tgtggttctg caattttcca gattattcaa agtatcagga tgggcatgtg 660
    aagtgactga ccttaagatg tttccattct cctgtgaatt ttaacttgaa ctatttctg 720
    atgtttgata ccctggttga aaacaattca gtaaaagcat ctgcctcaga atgactttcc 780
    tatcatgctt catgtgtcat tccaaggttt cttcatgagt cattccaagt tttctagtcc 840
    ataccacagt gccttgcaaa aaacaccaca tgaataaagc aataaaattt gattgttaag 900
    atacagtagt ggaccctact tattcagtc attaagagta agttttttta tgtggttatt 960
    aaaacagtat gaacaattag tctaactctg catagacagg gtctagattt tgttaaccca1020
    aatgtataac tgcagttagc ttaaattaca atttgaagtc ttgtggtttt tatatagcta1080
    ggcactttat tactcttttg aactgaaagc acactccctt ataggttcat gtaactgtcc1140
    tgaataaagg tgcttataaa tggaacaact acacagccta gttttgccac aacctttagc1200
45  atctaaaaag ttttaaaagc ttctaaatgt ctaatataaa gggagatgct tatagccaca1260
    acatctattt taccaatatt gtttccatta cactaccttg gattttgcat gagttagtat1320
    agtaacccaa gatgccataa aaaaaaactt gatcgttttc tgacttaatc agttactgtg1380
    gtttccactaa aagctaccgt ggtggagtga agtcagtcag ggaaggtttg tttatgttac1440
    atttatttca ccagaactat tttaatatat caaagggtt tactatgcc aacaaaattc1500
50  tagggaaaaa tactgctaaa aatggatgcc tcatcagaac atgctgttga gtccaatgtg1560
    ccataagaca ttttagcatg ttaaataagca cttttaatag caaaaaaagg cacatcaact1620
    gcgaagttat ccttagtttg caaatgcttt ttctagatta atgatttttc aatcattagg1680
    gtactagaca catcagccta aagtggcatc tgggaattgaa tggatttact gataatgatc1740
    agtcttttagt cttccctttg ttatatgact ttataggtta tgattgatca aatttacgtt1800
55  ttactaatgg taagggtgag ggtcataggg cagggttttg gttttctagt actgttgaaa1860
    actgcaagta ttggctatct gtatacttag ccataacttg gtgaaaaaaa acctgagcag1920
    tgtctatgta ttaatgcgtt ggaaagaaag ctgcttgtgt ttgctttgtt aattgcctca1980
    ggatatttct tttaaaataa gctgttttaa gaggaacaga agggaaatct gctacctagt2040

```

```

ctatacacag cgtgaac acagggggct tctgataccc tcaaaca agaacagtaa2100
gggagcagag tggtaaag ctttcaggaa ctttaactatt ctggaataag gaatgaatca2160
actgaccttg ggccagcagg tttttaacta aattgttact tgcctttctc acccagttaa2220
tcagtcctctg tacttgtttc cctttttgaa acaagtgtct tggttaacta attctgtttt2280
5 atggttggtgc taaattcata gcaggtgcct tattccttgc ttttagtcaa accattccat2340
atcagaattt tccttggttt actatagata tttggcctta agttgttgtt tgtgtttttt2400
aatgtacaat gttctgataa atttgactgt taaattgcta tagctagcaa tcattttaca2460
tatgtaaaat tgcattccct ttgtatttca tgtgtaattc accaattaag tgcagtttat2520
attcaggttg gattatgcat gtttaggtaa acgaaagctg tgtcttactt gattttattct2580
10 ttaaaaataa agttccctga atatttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2628

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 2535 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

35 agttcggcac agggggagga acctggccct gggaggaggc tgttgctgct tcctacagaa 60
tcccgttctg aagggaagag catgtttgcg ggcgtcccca ccatgctgta gagctcccc 120
aaacagtaca tgcagctcgg aggcagggtc ttgctgggtc tgatgttcat gacctcctt 180
cactttgacg ccagcttctt ttctattgtc cagaacatcg tgggcacagc tctgatgatt 240
ttagtggtcca ttggttttaa aaccaagctg gctgctttga ctcttggtgt gtggctcttt 300
gccatcaacg tatatttcaa cgccttcttg accattccag tctacaagcc catgcatgac 360
ttcctgaaat acgacttctt ccagaccatg tgggtgattg ggggcttgct cctgggtggtg 420
gccctgggcc ctgggggtgt ctccatggat gagaagaaga aggagtggta acagtcacag 480
atccctacct gcctggctaa gaccctggc cgtcaaggac tgggtcgggg tggattcaac 540
45 aaaactgcc aactttatgt atcctcttcc cttccctccc cttggtaaa gacacagatgt 600
tttgagaact ttatttgtag agacacctga gaatcgatgg ctgagctctg tctggagcca 660
cagtctggcg tctgacctt cagtgcaggc cagcctggca gctggaagcc tccccacgc 720
cgaggctttg gagtgaacag cccgcttggc tgtggcatct cagtcctatt tttgagttt 780
tttgtggggg tacaggagg ggccctcaag ctgtactgtg agcagacgca ttggtattat 840
50 cattcaaagc agtctccctc ttatttgtaa gtttacattt ttagcggaaa ctactaaatt 900
atthtgggtg gttcagccaa acctcaaaa agttaatctc cctgggttaa aatcacacca 960
gtggctttga tgttgttct gccccgatt gtattttata ggaatagtga aaacatttag1020
ggacacccaa agaattgatc agtattaaag ggggtggtaga agctgctgtt tatgataaaa1080
gtcatcggtc agaaaatcag cttggattgg tgccaagtgt tttattgggt aacacctgg1140
55 gagttttagt agcttgaggc aagggtggag ggcaagaagt ccttggggaa gctgctggtc1200
tgggtgctgc tggcctccaa gctggcagtg ggaagggcta gtgagaccac acaggggtag1260
ccccagcagc agcacctgc aagccagcct ggccagctgc tcagaccagc ttgcagagcc1320
gcagccgctg tgggcagggg gtgtggcagg agctcccagc actggagacc cacggactca1380

```

```

accagttac ctca gg gccctttctg agcaaggtct cga gca ggccgacctg1440
gctgagcagc accgccttt cccagctgca ctgcacctgt ggac cccc gacacaccac1500
tttctgagg ctgtcgctca ctacagattgt ccgtttgcta tgccgaatgc agccaaaatt1560
cctttttaca atttgtgatg ccttaccgat ttgatcttaa tctgtattt aaagttttct1620
5 aacctgcct tatactgtgt tctctttttt gggggagctt aactgctgt tgcctcctgt1680
ctgtctgcacc atagtaaatg ccacaagggg agtcgaacac ctctctggcc cctagacct1740
tctgggggaca ggctggctca gccgtgtctc agggctgtgt cggcccagcc ccgagcctgc1800
ctccctcttg gccctctcct catttggtct gcagggcagg ggtgaggcag gtttctgtct1860
ataagtgcct ttggaagtca cctacctttt taacacagcc gaactagtcc caacgcgttt1920
10 gcaaatattc ccctggtagc ctacttctct acccccgaat attggtaaga tcgagcaatg1980
gcttcaggac atgggttctc ttctcctgtg atcattcaag tgctcactgc atgaagactg2040
gcttgctca gtgtttcaac ctccaccagg ctgtctcttg gtccacacct cgctccctgt2100
tagtgccgta tgacagcccc catcaaatga ccttggccaa gtcacggttt ctctgtggtc2160
aaggttggtt ggctgattgg tggaaagtag ggtggacca aggaggccac gtgagcagtc2220
15 agcaccagtt ctgcaccagc agcgcctccg tctagtggg tggtcctgtt tctcctggcc2280
ctgggtgggc tagggcctga ttcggaaga tgcccttgca gggaggggag gataagtggg2340
atctaccaat tgattctggc aaaacaattt ctaagatttt tttgctttat gtgggaaaca2400
gatctaaatc tcatcttatg ctgtatttta tatcttagtt gtgtttgaaa acgttttgat2460
ttttggaac acatcaaat aaataatggc gtttggtgta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2520
20 aaaaaaaaaa aaaaa 2535

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 805 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

45 ggcacgagcg gcacgagcca tctccatccc cggagcatct gtatgattca gaagtacaac 60
cacgatgggg aagcaggctg gctggaggct tttagccaag gggaaagtgt cctaaaggaa120
cccaagtacc aggaagagct ggaggacagg ctgcatttct acgtggagga atgtgactac180
ttgcagggct tccagatcct gtgtgacctg cacgatggct tctctggggg aggcgcgaag240
50 gcggcagagc tgctacaaga tgaatattca gggcggggaa taataacctg gggcctgcta300
cctgggtccc accatcgtag ggaggcccag agaaacatct atcgtctatt aaacacagct360
tttgggtctg tgcacctgac tgctcacagc tctctgtct gcccttgct cttgggtggg420
agcctggggc tgcgacccga gccacctgtc agcttccctt acctgcatta tgatgccact480
ctgcccttcc actgcagtgc catcctggct acagccctgg acacagtcac tgttcttat540
55 cgctgtgtt cctctccagt ttccatgggt catctggctg acatgctgag cttctgtggg600
aaaaaggtgg tgacagcagg agcaatcct cctttccctt tggctccagg ccagtccctt660
cctgattccc tgatgcagtt tggaggagcc accccatgga cccactgtg tgcatgtggg720
gagccttctg gaacacgttg ctttgcccag tcagtgggtg tgagggggta tagacagagc780

```

atgccacaca agccac ttaat

805

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1279 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

30

35

45

```

cggaagtagc cgcaggcatg gggggcgcta tgccgctgtt gctctgctcg tcctgttgct 60
cctggggccc ggcggtggtt gccttgca gaacccacgc gacagcctgc gggaggaaact 120
tgtcatcacc ccgctgcctt cgggggacgt agccgccaca ttccagttcc gcacgcgctg 180
ggattcggag cttcagcggg aaggagtgtc ccattacagg ctctttccca aagccctggg 240
gcagctgac tcacaagtatt ctctacggga gctgcacctg tcattcacac aaggcttttg 300
gaggacccga tactgggggc cacccttcct gcaggcccca tcaggtgcag agctgtgggt 360
ctgggtccaa gacactgtca ctgatgtgga taaatcttgg aaggagctca gtaatgtcct 420
ctcagggatc ttctgcgcct ctctcaactt catcgactcc accaacacag tcactccac 480
tgccctcctc aaacccctgg gtctggccaa tgacactgac cactactttc tgcgctatgc 540
tgtgctgccc cgggaggtgg tctgcaccga aaacctcacc ccctggaaga agctcttgcc 600
ctgtagtctc aaggcaggcc tctctgtgct gctgaaggca gatcgcttgt tccacaccag 660
ctaccactcc caggcagtgc atatccgcc tgtttgca aatgcacgct gtactagcat 720
ctcctgggag ctgaggcaga cctgtcagt tgtatttgat gccttcac caaggcagg 780
aaagaaagac tggctcctct tccggtgtt ccccgaaacc ctcacggagc cctgccccct 840
ggcttcagag agccgagtct atgtggacat caccacctac aaccaggaca acgagacatt 900
agaggtgcac ccaccccgca ccactacata tcaggacgtc atcctaggca ctcggaagac 960
ctatgccatc tatgacttgc ttgacaccgc catgatcaac aactctcgaa acctcaacat 1020
ccagctcaag tggaaagag cccagagaa tgaggcccc ccagtgcctt tcctgcatgc 1080
ccagcggtag gtgagtggct atgggctgca gaagggggag ctgagcacac tgctgtaca 1140
caccaccca taccgggctt tccgggtgct gctgctggac accgtaccct ggtatctgcg 1200
gctgttacat ccactaccag cctgccagg accggctgca accccacctc ctggagatgc 1260
tgattcagct gccggccaa

```

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1923 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

gcgcaagaca caggaggccc aggccggcag tcaggacatg gcggcgattt gcagattcca 60  
atctctctgt ttctgcggcg attgaacacc caacattggc gaccgggatc gcggaaagtg 120  
atggctgtcg tcccgggctc tctctcagga caggacgtgg gatcatttgc atatcttaca 180  
attaaagaca gaataccaca gatcttaact aaggtttattg atacattgca tcgacataaa 240  
agtgaatttt ttgagaaaca cggagaggaa ggcgtggaag ctgaaaagaa agctatctct 300  
ctcctttcta aattacggaa tgaattgcaa acagataaac catttatccc cttgggtgag 360  
aaatttggtg atactgatat atggaatcag tacctagaat atcaacagag tcttttaaat 420  
25 gaaagtgatg gaaaatcaag atggttctac tcaccgtggt tgttggtaga atgttacatg 480  
tatcgaagaa ttcatgaagc aattatccag agtccaccaa tcgattactt tgatgtattt 540  
aaagaatcaa aagagcaaaa tttctatggg tcacaggaat ccatcattgc tttatgtact 600  
cacctgcaac aattgataag aactattgaa gacctagatg aaaatcagct gaaagatgag 660  
tttttttaaac ttctgcagat ttcactgtgg ggaaataagt gtgatctgtc tctctcaggt 720  
30 ggagaaaagta gttctcagaa taccaatgta ctaaattcat tggaagacct aaaacctttc 780  
atcttattga atgatatgga acatctttgg tcattgctta gcaattgcaa gaaaacaaga 840  
gaaaaagctt ctgctactag agtgatatatt gttctcgata attctggatt tgagcttggt 900  
acagatttaa tattagccga cttcttggtg tcctctgaac tggctactga ggttcatttt 960  
tatggaaaaa caattccatg gtttgtttct gatactacta tacatgattt taattggtta 1020  
35 attgaacagg taaaacacag taatcataag tggatgtcca agtgtggggc tgactgggaa 1080  
gagtatatta aaatgggtaa atgggtttac cacaatcata tattttggac tctgcctcat 1140  
gagtactgtg caatgcctca ggttgccact gacttatatg ctgaactaca gaaggcacat 1200  
ttaattttat tcaagggtga tttgaattac aggaagtga caggtgacag aaaatgggag 1260  
ttttctgttc catttcatca ggctctgaat ggcttccatc ctgcaccact ctgtaccata 1320  
agaacattaa aagctgaaat tcaggttggt ctgcagcctg ggcaaggggg acagctcctg 1380  
gcctctgagc ccagctgggtg gaccactgga aaatatggaa tatttcagta cgatggtccc 1440  
ctttgacttg atttaggagc tctcagttgc atagaaagat ctggtgagca ccttttcatc 1500  
cccagaaaag gagcacgtga attgagtcgc ctggcggctc tgtacgcgct cagggaagct 1560  
tagcttcttg gtgcccactc acgtgcactg gatgattttt cttttgaaca ttttgcccc 1620  
45 ctacactgtt tttggggata gctgggttaa gcaagttaaa gatatttaca tttatatgg 1680  
agattttaag caactttttt ttcagggtaa atatataatt tcaaagtgc tttaaatgga 1740  
ccttaatttt gaagtgggta gggccaaaaa ataaaggag ggctcctttg aggtaggtac 1800  
ccttgccctt tcctaaaaag cccctcaatg ggatttagat ccgggggggt ggggttattt 1860  
tccttggttt ggccatgaaa atccttgga cgggttatg cccttttgaa aagggtgggt 1920  
50 ttt 1923

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 706 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

25

30

```

cattttacga caggcgggat tgttttgtgg ctgtcagctt tctccgtggt ctgagtttgt 60
ggctgcattt ttatctctgg tggctctgct acggcggcgc agaaatgagg cagaagcggal20
aaggagatct cagccctgct gagctgatga tgctgactat aggagatggt attaaacaac180
tgattgaagc ccacgagcag gggaaagaca tcgatctaaa taagggtgaaa accaagacag240
ctgccaaaata tggcctttct gccagcccc gcctgggtgga tatcattgct gccgtccctc300
ctcagtatcg caaggtcttg atgcccaggt taaaggcgaa acccatcaga actgctagt360
ggattgctgt cgtggctgtg atgtgcaaac cccacagatg tccacacatc agttttacag420
gaaatatatg tgtatactgc cctgggtggac ctgattctga ttttgagtat tccaccagt480
cttacactgg ctatgagcaa cctccatgag agctattccg tgccagatat ggacccttt540
ccttacagga caaggacacc ggattaggaa cagtttataa caagttgggt tcgtagtg600
gggttaagtg ggagtttgtt tgtggatggg gtgggaactt tttggggccg ttccagagga660
ttacagagtt atttttattt cggagtttta cgtgatgggt tttccg 706

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 749 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

5 gacctatcct catctgtgca aggaggagt gccaaactct gagcccagc tgttgcttcc 60  
 tgggtctggtg gtgaatcctc catagtctgg tgagtgtagt gcccaactct ggagcccagg120  
 atgttgcttc ccggtctggt ggtgaatcct ccatagtctg gagatctcag ccctgctgag180  
 ctgatgatgc tgactatagg agatgttatt aaacaactga ttgaagccca cgagcagggg240  
 aaagacatcg atctaaataa ggtgaaaacc aagacagctg ccaaatatgg ctttctgcc300  
 cagccccgcc tgggtgatat cattgcttgc cgtccctcct cagtatcgca aggtcttgat360  
 gcccaagtta aaggcgaaac ccacagaac tgctagtggg attgctgtcg tggctgtgat420  
 gtgcaaacc cacagatgtc cacacatcag ttttacagga aatatatgtg tatactgccc480  
 10 tgggtgggac ctgattctga ttttgagtat tccaccagt cttacactgg gctatgagcc540  
 aacctccatg aggagctatt ccgtgccaga tatggaccct tttccttaca ggacaaggac600  
 accggattag gaacagttta aaacaagttg ggttcgtagt gtgggggtta gtgggagttt660  
 gtttggtgat ggggtgggaa ctttttgggg ccgttcaga ggattacaga gttattttta720  
 tttcggaagt ttacgtgatg ggttttccg 749

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 857 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

40 accttacc aa ggggagaaaa aaaccctcca ctttggtcca ctgtgggttt ggcactaaga 60  
 ggcaagatat ctgaaggagg tcattccagt tttaaaagta cggacagtgc tgttggaact120  
 gaccacaaaa atgtattggt aaaaaaaaaat tgaaaaccag cagtgttttg ggtccccctg180  
 aaacctctgt gaatcggagg tgggccagg aggtgacagg acgcagcaga aatagtccca240  
 gaaaggagag acgggtcatg cagcgggctt gtgctttttt gtgtgtgttt gtgtgtttta300  
 45 caccatacat ctccaaatga agtattttatt aacaattgta gtgtaagcct gtgataaaat360  
 agcacaaagg ttcttttaag aagttcactt ttaaggcatc agaaaagtta atgtggcaaa420  
 catttttaatt aaaacatcag aagtaaat ttttttaaac tttaggcctc tgaatttttc480  
 cagtaaacac agttcagcta tgtggcaaa tcaatgggtg gcattctaaa tgactttttta540  
 cattctacaa aaaaataaaa taaaataagg acacagcccc aaacggtgtc acctcttcgc600  
 50 ggccgctcca catgcacaga atctactagg atttgtcac ggcgggtggc acccgatttg660  
 ttttgactat acaacaaact tttttttcaa agtattttgt tcaggataac tttaaaaata720  
 atataaaaaat aaacaatgga tttgactttt ccctcaaaat tgaaaagaaa ggggtggggg780  
 gaggtgttaa ccattggcct tttttttttt ggagggggcc cattgggatt gtaaggccct840  
 ggggttccgg ccttttc 857

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 268 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

25

```
ccgcgccccgg cccccaggca attttaataa taaatcttaa tagatggggg aagagctgcc 60
ttcatcccat acagagaata caatggtgct agactaagta gagattttat ttcagcttaal20
agattctggt tgatgtctga aattacatgt ttaggcggca tggggaacag gactgttctt180
tagcatcagt ttcacaatta cttaatacta ctaggtttca ttcaccttat aattctgaaa240
ttcatcagc agtggggaac agaaaagg 268
```

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 267 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
ctgatgtgca ctctaggtta gtaaccattt ttgtgaaaaa tttagagaaa ttctttgagc 60
```

agcttccact gaaa...aa aacccaatag ggccaaaggc cca...ctg aggaaacctt120  
 atttattgct taatccaaca taggctatga aagttttgag ttccctcttg tgtattagaal80  
 ttccattcct atttgttgta gagagtatag tacggggaat cagtaaatta aatgaagtaa240  
 actaaagatt acacctttgc tgctggcact aagcgaaaag caaaaccagt ggctgtc 297

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 590 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

30

35

acgggtcaaaa tgataactca tgtatTTTTat tccaacaaca tttggTTTTat aaaggaatac 60  
 aaacaggcac aaaacatggt tcagaagatt tattaagtaa acttgctaaa atatggacag120  
 atacacttag cagtcaaaca gttgaatatt cattgctacc tcattaaagt ttttgatatct180  
 gtattaccag gtccaaacat aaaaaccacc tctgttcaaa aaataaatgt tcagagagct240  
 gtatgttctt tgttctggtg tgtacatttt aaaaaaacac ctctttccag tcttgctaac300  
 caagaatatt agtcatataa aagaacttag aatttttttc cccaagtaca agctatcttt360  
 tgctccaaaa cagttctgaa ggttttattt atattttatc ttatcccgag ggaccaacag420  
 caggcatacc ttggccaggc ctctctgcag aaagacacag agccgtaaag gcaaaaaataa480  
 aattgcaata aagtatatgg tattgggggc agggagaacc agaaaccctc aaggggacca540  
 attttttagca cgttcttttt ttagggttta ccctgtggag taagaactag 590

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1714 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

55

(iii) ANTI-SENSE: ( ) N

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ggaaggggaa gtttcgcctc agaaggtcgc ctgcgtggtc cgaattcggg ggcgccacgt 60
ccgcccgtct ccgccttctg catcgcggtt tcggcggtt ccacctagac acctaacagt 120
cgcgaggccg gccgcgtcgt gagggggtcg gcacggggag tcgggcggtc ttgtgcattc 180
15 tggctacctg tgggtcgaag atgtcggaca tcggagactg gttcaggagc atcccgcgca 240
tcacgcgcta ttggttcgcc gccaccgtcg ccgtgccctt ggtcggcaaa ctcgccctca 300
tcagcccggc ctacctcttc ctctggcccg aagccttctt ttatcgcttt cagatttgga 360
ggccaatcac tgccaccttt tatttccctg tgggtccagg aactggattt ctttatttgg 420
tcaatttata tttcttatat cagtattcta cgcgacttga aacaggagct tttgatggga 480
20 ggccagcaga ctattttatt atgctcctct ttaactggat ttgcatcggt attactggct 540
tagcaatgga tatgcagttg ctgatgattc ctctgatcat gtcagtactt tatgtctggg 600
cccagctgaa cagagacatg attgtatcat tttggtttgg aacacgattt aaggcctgct 660
atttaccctg ggttatcctt ggattcaact atatcatcgg aggcctcggt atcaatgagc 720
25 ttattggaaa tctggttggg catctttatt ttttcctaag gttcagatac ccaatggact 780
tgggagggaag aaattttcta tccacacctc agtttttgta ccgctggctg cccagtagga 840
gaggaggagt atcaggattt ggtgtgcccc ctgctagcat gaggcgagct gctgatcaga 900
atggcgaggg cgggagacac aactggggcc agggctttcg acttgagac cagtgaaggg 960
gcggcctcgg gcagccgctc ctctcaagcc acatttcttc ccagtgtctg gtgogcttaal020
caactgcgtt ctggctaaca ctgttgacc tgaccacac tgaatgtagt ctttcagtacl080
30 gagacaaaagt ttcttaaatc ccgaagaaaa atataagtgt tccacaagtt tcacgattct1140
cattcaagtc cttactgctg tgaagaacaa ataccaactg tgcaaattgc aaactgact1200
acattttttg gtgtcttctc ttctcccctt tccgtctgaa taatgggttt tagcgggtcc1260
tagtctgctg gcattgagct ggggctgggt caccaaaacc ttccaaaag gacccttatcl320
tctttcttgc acacatgcct ctctcccact tttcccaacc cccacatttg caactagaag1380
35 aggttgccca taaaattgct ctgcccttga caggttctgt tatttattga cttttgccaa1440
ggcttgggtc caacaatcat attcacgtaa ttttccccct ttggtggcag aactgtagca1500
atagggggag aagacaagca gcggatgaag cgtttttctc gctttttgaa ttgcttcgac1560
ctgacatccg ttgtaaccgt ttgccacttc ttcagatatt ttataaaaa agtaccactg1620
agtacgtgag ggccacagat tggatattaat gagatacgag ggttggtgct ggggtgtttgt1680
40 tccgagtaag tgagaagggt agtggattga ctac 1714

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

10  ctcgagccgc tcgagccgaa tcggctcgag ctgaaaaagg gctacctgac cctgtcagac 60
    agtggggaca aggtggccgt ggaatgggac aaagaccatg gggtcctgga gtcccacctg 120
    gcggagaagg ggagaggcat ggagctatcc gacctgattg ttttcaatgg gaaactctac 180
    tccgtggatg accggacggg ggctgtctac cagatcgaag gcagcaaagc cgtgccctgg 240
    gtgattctgt ccgacggcga cggcacctgt gagaaaggct tcaaggccga atggctggca 300
15  gtgaaggacg agcgtctgta cgtggggcgc ctgggcaagg agtggacgac cactacgggt 360
    gatgtggtga acgagaaccc ggagtgggtg aagggtggtg gctacaaggg cagcgtggac 420
    cacgagaact ggggtgtccaa ctacaacgcc ctgctgggctg ctgccggcat ccagccgcca 480
    ggtaacctca tccatgagtc tgctgtctgg agtgacacgc tgcagcgctg gttcttcctg 540
    ccgcgcgcgc ccagccagga gcgctacagc gaggaaggac gacgagcgca agggcgccaa 600
20  cctgtctgtg agcgcctccc ctgacttcgg cgacatcgct gtgagccacg tcggggcggt 660
    ggtcccccact cacggcttct cgtccttcaa gttcatcccc aacaccgacg accagatcat 720
    tgtggccctc aaatccgagg aggacagcgg cagagtcgcc tccacatca tggccttcac 780
    gctggacggg cgcttcctgt tgccggagac caagatcgga agcgtgaaat acgaaggcat 840
    cgagttcatt taactcaaaa cggaaacact gagcaaggcc atcaggactc agcttttata 900
25  aaaacaagag gagtgcactt ttgttttgtt ttgtttttt ttgaactgtg cctgggttgg 960
    aggtctggac agggagccca gtcccgggac ccatagtggt gcgggcactg gacccccggg 1020
    cccacgggag gccgcggtct gaactgcttt ccattgctgcc atctgggtgtt gatttcggtc 1080
    acttcaggca ttgactcaag gcctgcctaa ctggctgggt cgtttcttcc atccgacctc 1140
    gtttcttttc tttcctatgt tcttttgttc agtgaatata cctagagctc ctaccatatg 1200
30  tcaggcccta tgccctaccc tgagaacgca gtaagcatga aggtggacct ggtttgctgg 1260
    gaacccgagg gctaaccccc tttttcttcc caaatttggg gccttggaag aatcaggtcc 1320
    agccctgaag atccttgggg                                     1340
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 765 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

10 gattgaa acaagatggc ggggttcgtgg tgagaagccg tcaaggagta gaaatttgta 60  
 gcttagaag cagattctaa aagcagtttc tcttcagaac atcttttttc ataccacttg120  
 ataagcatct tgaaacacca tggctgtagc tgcagtaaaa tgggtgatgt caaagagaac180  
 tatcttgaaa cttttatctc cagtccaaaa tggagcttta tattgtgttt gtcataaatc240  
 tacgtattct cctctaccag atgactataa ttgcaacgta gagcttgctc tgacttctga300  
 tggcaggaca atagtatgct accacccttc tgtggacatt ccatatgaac acacaaaacc360  
 tatccctcgg ccagatcctg tgcataataa tgaagaaaca catgatcaag tgctgaaaac420  
 cagattggaa gaaaaagtgg aacaccttga ggaaggacct atgatagaac aacttagcaa480  
 aatgttcttt actactaagc accgttggtta tctcatgga cggatcacca gatgtcgtaa540  
 gaattctgaat cctccaaaaa acagatgatg cggagggttc tgggggaatc aaagagaaat600  
 gtgcttcatt tgcatttga gaaaatgcag tctgggtgat tcagtaatat atagtaaagt660  
 aataatgata aaatatcttc tcatatatta gaattgtgtac ttttatataa agtaattctg720  
 15 gatttgacat tctcatttag ggggacctat tctttttttc gtttt 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1647 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

45 gcagccggag taagatggcg gcgctgaggg ctttgtgcgg cttccggggc gtcgcgggccc 60  
 aggtgctgcg gcctggggct ggagtccgat tgccgattca gccagcaga ggtgttcggc 120  
 agtggcagcc agatgtggaa tgggcacagc agtttggggg agctgttatg tacccaagca 180  
 aagaaacagc ccactggaag cctccacctt ggaatgatgt ggaccctcca aaggacacaa 240  
 ttgtgaagaa cattaccctg aactttgggc cccaacaccc agcagcgcac ggtgtcctgc 300  
 gactagtgat ggaattgagt ggggagatgg tgcggaagtg tgatcctcac atcgggctcc 360  
 tgcaccgagg cactgagaag ctcatggaat acaagacctt tcttcaggcc cttccatact 420  
 ttgaccggct agactatgtg tccatgatgt gtaacgaaca ggcctattct ctagtgtggt 480  
 agaagttgct aaacatccgg cctcctcctc gggcacagtg gatccgagtg ctggttgagg 540  
 50 aaatcacacg tttgttgaac cacatcatgg ctgtgaccac acatgccctg gaccttgggg 600  
 ccatgacccc tttcttcttg ctgtttgaag aaaggagaa gatgtttgag ttctacgagc 660  
 gagtgtcttg agcccgaatg catgctgctt atatccggcc aggaggagtg caccaggacc 720  
 tacccttggg gottatggat gacatttate agttttctaa gaacttctct cttcggcttg 780  
 atgagttgga ggagttgctg accaacaata ggatctggcg aaatcggaca attgacattg 840  
 55 gggttgtaac agcagaagaa gcacttaact atggttttag tggagtgatg cttcggggct 900  
 caggcatcca gtgggacctg cgggaagacc agccctatga tgtttacgac caggttgagt 960  
 ttgatgttcc tgttggttct cgaggggact gctatgataa gtacctatgc caggttggat 1020

gtccctgaga attatcgac agtgtctaaa caagatgcct cctggggagaa108  
 tgatgccaaa gtgtctccac ctaagcgagc agagatgaag acttccatgg114  
 4 tcatcacttt aagttgtata ctgagggtta ccaagttcct ccaggagcca120  
 10 ctttgaggtt cccaaggag agtttgggt gtacctgtg tctgatggca126  
 16 tttatgatgc aagatcaagg ctccctgggt tgcccatctg gctggtttgg132  
 22 ttaaggacac atgttggcag atgtcgttgc catcataggt acccaagata138  
 28 tgg agaagtagat cggtagcag gggagcagc ttgatcccc cctgcctatc144  
 34 tct gtggagcctg tctctactg gaaattggc tctgtgtgtg tgtgtgtgtg150  
 40 tgtg tgtgtgtatg ttcattgtaca cttggctgtc aggtttctg tgcattgtact156  
 46 tggag aaattataat aaattagcag tcttgcgccc ctaggcctaa aaaaaaaaaa162  
 52 aaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1647

# INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1166 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

cgccgcctgc gcggggggga gccagcaca gaccgcgcgc gggaccccca gtcgcgcacc 60  
 ccagccccac cgcccccccg gcgcgcctg gaccccaagg accgcaagaa gatccagttc 120  
 tcggtgcccg cgccccctag ccagctcgac cccgcgcagg tggagatgat ccggcgccagg 180  
 agaccaacgc ctgccatgct gttccggctc tcagagcact cctcaccaga ggaggagcc 240  
 tccccccacc agagagcctc aggagagggg caccatctca agtcgaagag acccaacccc 300  
 tgtgcttaca caccaccttc gctgaaagct gtgcagcgca ttgctgagtc tcacctgcag 360  
 45 tctatcagca atttgaatga gaaccaggcc tcagaggagg aggatgagct gggggagctt 420  
 cgggagctgg gttatccaag agaggaagat gaggaggaag aggaggatgc agccaggctg 480  
 aagtcctgaa ggtcatcagg cagtctgctg ggcaaaagac aacctgtggc cagggctctg 540  
 aagggccctg ggagcgccca cccctctgg atgagtccga gagagatgga ggctctgagg 600  
 accaagtgga agaccagca ctaagtgagc ctggggagga acctcagcg ccttccccct 660  
 ctgagcctgg cacataggca ccagcctgc atctcccagg aggaagtgga ggggacatcg 720  
 50 ctgttcccca gaaaccact ctatcctcac cctgttttgt gctcttcccc tgcctgcta 780  
 gggctggggc ttctgacttc tagaagacta aggtctggtc gtgtttgctt gtttgcacac 840  
 ctttggtgta taccagaga acctgggcac ttgtgctg atgcccacc ctgccagtea 900  
 tctctcatt caccagcgg gagtgaggat gtgagacag ccacattgga aatccagaa 960  
 55 aaccgggaac agggatttgc ccttcacaat tctactcccc agatcctctc cctggacac 1020  
 aggagacca cagggcagga cctaagatc tggggaaagg aggtcctgag aacggctgtt  
 tacccttaga tctttttcta ccactttcc tatggagctt aacagggttc aagttt

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 487 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

25  ctcagatcgg  tggacgtgct  cgccctccact  cggggccagg  tctatgtccc  ggtttccgcg  60
    agtcgcgggc  agggcgccaa  ggcggcagga  ggagggtgag  cgggtcaagag  acctccagga  120
    agagcggctc  tcggctgttt  gcctcgccga  tagagaagag  aaaggatgca  cgtcccagga  180
    gggaggaact  actccaactt  ttccatttca  gaaacaaaga  aaaaagatta  ttcaagctgt  240
    gagggacaat  tcatttcctt  ttgttactgg  aaatacagga  agtggtaaaa  caactcaact  300
30  cccaaaatat  ctatatgaag  cagggttttc  acaacatggt  atgattgggt  taactcaacc  360
    acgaaaagta  gctgctatat  cagttgctca  gagagtagct  gaagaaatga  aatgcacttt  420
    gggatccaaa  gtaggatacc  aagttcggtt  tgatgattgc  agttctaagg  agacagcaat  480
    caaatat
                                     487
  
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

5  aaactgtgta atgccccatg taatccataa aattttaact tttcccccta acgtttttgc 60
   tgaaaaatgt tgggaaaacc tcaaacagcc ttcttgaaaa caattaaaat acttgaaacc 120
   tgtgaacctt tcaaaaaaac ctacaggttg gaaaagaccc ccaaaccttc ttttaaggat 180
   catttgtctc gcccatcaca ggatcttgga aatgtttccc taggggtgtg aaaaattaac 240
   ccagggggga atgaagcaca tttttctggc aaccaaactt gagttcctca gagaacagat 300
10  gcagagagac ctgctcctgc ttgcccggct acaggggcca ctgtggagtc aactgaggc 360
   tgtgaccggc cataagccca ggagagcccg tggcagctgt gccgaggcgc caggacctct 420
   aagcgggaag ttcccaagct aggaatggag caacactgca atgaaatgtg tccaccaagc 480
   tcattgttcc tcccgggtgc ttataaagct cagatgtata gtgacgtatg gacaaataca 540
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gcctttcttt ctacacaggca taagacacaa 600
15  attatatatt gttatgaagc actttttacc aacggtcagt ttttacattt tatagctgcg 660
   tgcgaaaggc ttccagatgg gagaccatc tctctgtgct tccagacttc atcacaggct 720
   gctttttatc aaaaagggga aaactcatgc ctttcccttt taaaaaatgc ttttttgtat 780
   ttgtccatac gtcactatac atctgagctt tataagcgcc cgggaggaac aatgagcttg 840
   gtggacacat ttcattgcag tgttgctcca ttcttagctt gggaagcttc cgcttagagg 900
20  tcttgggccc tgggcacagc tggcacgggc tctctggggt ttatggcggg tcacagcctc 960
   agtgtgactc cacagtggcc cctgtagccg ggcaagcagg agcaggctct tctgcatctg 1020
   ttctctgagg aactcaagtt tggttgccag aaaaatgtgc ttcattcccc cctgggtta 1080
   ttttacacac cctaggaac atttccaaga tctgtgatg gcgagacaaa tgatccttaa 1140
   agaaggtgtg ggttctttcc caacctgagg atttctgaaa ggttcacagg ttcaatattt 1200
25  aatgcttcag aagcatgtga ggttcccaac actgtcagca aaaaccttag gagaaaactt 1260
   aaaaatatat gaatacatgc gcaatacaca gctacagaca cacattctgt tgacaaggga 1320
   aaaccttcaa agcatgttct tttccctcac cacaacagaa catgcagtac taaagcaata 1380
   tatttgtgat tccccatgta attcttcaat gttaaacagt gcagtcctct ttcgaaagct 1440
   aagatgacca tgcgcctttt cctctgtaca tataccctta agaacgcccc ctccacacac 1500
30  tgccccccag tatatgccgc attgtactgc tgtgttatat gctatgtaca tgtcagaaac 1560
   cattagcatt gcatgcaggc ttcataattc ttctaagatg gaaagtaata aaatatattt 1620
   gaaatgtacc                                     1630

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1272 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

tgcgcgcgag cccgtgtg cacggcgggc agcagcggcg gcggcggg ctgaacgcgg 60
agggggcgga gggagccc, ggcggcggca gcagctacag cgaaatgg, gagaccgtgg 120
ctgacacccg gcggctgac accaagccgc agaacctgaa tgacgcctac ggacccccca 180
gcaacttctt cgagatcgat gtgagcaacc cgcaaacggt gggggctcggc cggggccgct 240
5 tcaccactta cgaaatcagg gtcaagacaa atcttcttat tttcaagctg aaagaatcta 300
ctgttagaag aagatacagt gactttgaat ggctgcgaag tgaattagaa agagagagca 360
aggtcgtagt tcccccgctt cctgggaaag cgtttttgcg tcagtctctt ttagaggaga 420
tgatggaata tttgatgaca attttattga ggaaagaaaa caagggtgg agcagtttat 480
aaacaaggtc gctggctcct ctctggcaca gaacgaacgt tgtcttcaca tgtttttaca 540
10 agatgaaata atagataaaa gctatactcc atctaaaaata agacatgcct gaaatttggc 600
aagaaggggc aaaaacgtga ctattaatga ttgataagca ccagtgaaga agttctaact 660
tttagcatgc tgcacagaaa ctggtataac atgccttcag tatactaaca ctcatatgct 720
cagttttgtt ttgttttggc agttgacaag aagttaattt gcttttagtaa aaatccctca 780
ttccagcctt tctatataaa tagctctttt ttgctgtttt aatgtggtgc acactatagc 840
15 ctccacaaacc tgttattcca gtgtaatctg cagtgtcgta actaaagtta ctggcttggg 900
cttattttgca cagtttttgc gtcttgtttg cttcttgcac ctgattaact agaataattc 960
tctttccccc ttttaatttg tgatgtcact tgacccatt tatgtgtagg agcactacac 1020
cattggtttc caatactgca cacataagat acatacttgt gtgcagaaaag tatcttctct 1080
caggcttgta atacccttca catggaagat taatgaggga aatctttata ttctgtataa 1140
20 aaacaaaagc aaatttatat actaaaatca tttgtctaaa aattttaagtt gttttcaa 1200
aaaaattaaa atgcatttct gatatgcaaa aaaaaaaaaa aagaaaaaga aaaaaagagg 1260
ggcgcccgct ct 1272

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1914 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

tgcagcgcgt gcgtgctgcg ctactgagca gcgccatgga ggactctgaa gcaactgggct 60
50 tcgaacacat gggcctcgat ccccggtctc ttccaggctgt caccgatctg ggctggctcg 120
gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg 180
ctcgggcccg cacgggctcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt 240
tgctccatag gaaggcgaca ggtccgggtg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg 300
ttcctaccaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact 360
55 gtgctcggga tgtccgagtg gccaatgtct cagtgtctga agactcagtc tctcagagag 420
ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact 480
tgcagcaaga cagcctgaaa ctctgtgact cctggagct tttgggtggg gacgaagctg 540
accttctttt ttcctttggc tttgaagaag agctcaagag tctcctctgg gaaggcagag 600

```

tcacttgccc cggat cc aggettttct catgtcagct actt cgc aggacgtaca 660  
 agcactcaag gagctgacat tacataaccc ggttaccctt aagtt agg agtcccagct 720  
 gcctgggcca gaccagttac agcagtttca ggtggtctgt gagactgagg aagacaaatt 780  
 cctcctgctg tatgccctgc tcaagctgtc attgattcgg ggcaagtctc tgctctttgt 840  
 5 caacactcta gaacggagtt accggctacg cctgttcttg gaacagttca gcataccac 900  
 ctgtgtgctc aatggagagc ttccactgag ctccaggtgc cacatcatct cactggtcaa 960  
 ccaaggcttc tacgactgtg tcatagcaac tgatgctgaa gtccctggggg cccagtcacaa 1020  
 gggcaagcgt cggggccgag ggcccaaagg ggacaaggcc tctgatccgg aagcaggtgt 1080  
 ggccccggggc atagacttcc accatgtgtc tgcctgtgctc aactttgatc ttcccccaac 1140  
 10 ccttgaggcc tacatccatc gagctggcag gacagcacgc gctaacaacc caggcatagt 1200  
 cttaaccttt gtgcttccca cggagcagtt ccacttaggc aagattgagg agcttctcag 1260  
 tggagagaac aggggccccca ttctgtctcc ctaccagttc cggatggagg agatcgaggg 1320  
 cttccgctat cgctgcaggg atgccatgag ctcatgtact aagcaggcca ttccggaggc 1380  
 aagattgaag gagatcaagg aagagcttct gcattctgag aagcttaaga catactttga 1440  
 15 agacaaccct agggacctcc agctgctgag gcatgacctc cctttgcacc ccgcatgtgt 1500  
 gaagccccac ctgggccatg ttccctgacta cctggttcct cctgctctcc gtggcctgtg 1560  
 acgccctcac aagaagcggg agaagctgtc ttccctcttg aggaaggcca agagagcaaa 1620  
 gtcccagaac ccactgcgca gcttcaagca caaaggaaaag aaattcagac ccacagcca 1680  
 gccctcctga ggttggtggg cctctctgga gctgagcaca ttgtggagca caggcttaca 1740  
 20 ccttcctgtg acaggcggag ctctgggtgt tactgcacag cctgaacaga cagttctggg 1800  
 gccggcagtg ctgggcccct tagctccttg gcacttccaa gctggcatct tgccccctga 1860  
 caacagaata aaaatttttag ctgccccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1914

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 608 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

aatggaacca ggaattctta attaagcccg aagttcccaa gtctccttag cggaaaccgg 60  
 50 aaattgcccc aggaaagcaa agaggagat gaccagtgt acctccagtg ccagaggtca 120  
 ctttggtggag ccaaatgcgt gacatgggca gtgcagactc ggcactcttct gtcccccgca 180  
 ttaatgactc tcaggaaagg ggtatgtaatt caaggcaagt ttctaattcc gaagctgcct 240  
 gttcatgtta acaggacttc tttttattcg tcaagatgta ctggttcctt gccaccttaa 300  
 gggaaatcct gataaaggca aacctgttga gccatttggg cccataggat cccaggaccc 360  
 55 aagtcctgtg ttctatcggt actaccatgt gttccgtgag ggagaactgg aaggtgcctg 420  
 caggactgtg agtgatgca gaattctgca aagctactac gatcaaggaa actgggtgtg 480  
 gattcttcaa aaggcctgat tatttacctg aacacatcat atataaagaa gaaatgctca 540  
 cttaaaaaaaaa aaagagggga taaattaatt acccgtttta ttaaagagaa aacttgtggg 600

gaagtacc

608

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

5

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2674 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

30

35

45

50

55

```

tgaagagaag ttaaggtgaa gagccgaaga gctgatgag tgatgagcgt ctaagaaagg 60
agaagcaaga gcagagaaga gagagagaaa gaacgggaga gagaaaggga agaaagagaa 120
aggaaaagac gaagggaaga ggaagaaaaga gaaaaagaaa gggctcgtga cagagaaaaga 180
agaaagagaa gtcgttcacg aagtagacac tcaagccgaa catcagacag aagatgcagc 240
aggctctcggg accacaaaag gtcacgaagt agagaaaaga ggcggagcag aagtagagat 300
cgacgaagaa gcagaagcca tgatcgatca gaaagaaaac acagatctcg aagtcgggat 360
cgaagaagat caaaaagccg ggatcgaaa gcatataagc acaggagcaa aagtcgggac 420
agagaacaag atagaaaatc caaggagaaa gaaaagagg gatctgatga taaaaaagt 480
agtgtgaagt cgggtagtcg agaaaagcag agtgaagaca caaacactga atcgaaggaa 540
agtgatacta agaattgagg caatgggacc agtgaagaca ttaaattctga aggtgacact 600
cagtccaatt aaaactgatc tgataagacc tcagatcaga cagaggtaag tgtattgttt 660
ctcacttttg ttagggcttt ttgttactgt ttgacagtgc agcgttaagta tgcacagatg 720
aagatggaac taagccgagt aagaagacat acaaaagcct cttctgaagg aaaagacagt 780
gtagtctctg aaaacatttt gaggtacatt gttttgtctc agctattttg tagcagactc 840
gtgcccccat tagtgtgcct ctttggaat tatcgccac atttgtaata tagtcgcat 900
tgaaaagtta attatccttt ttttagggat tttgatgtca tttctttttt ttttttaata 960
aaaagggtga actgtttttt tttttctttt tgggattaa tccatcttgt gttgggtacat 1020
tggcagagac atatgcttta aaaacttaaa tatttcggag gcacatgttg gactactttg 1080
ttttaattaa actgctagta tttctttgtc aaggatgttt ctagtttttt gctttattgc 1140
cttgcatctt aatgcagttt gttctgtaac tcgagagcca gtagcattgg attgatggaal 1200
gtgtaggggt tatgaattat tgcagctgac taccatacct cacacagcgt tgggtgtgtg 1260
agcggcccat gaaaagccaa attaaaaatc atggattcag tcaaactaag cagggtactca 1320
tgccagggtac tctttctct acccacatcc atgtttgaat gctattgcct gtgatcttta 1380
cgcttaactg ttgtgtatct tttttgttct ttacaagaag tgcagagggg tttttgtgt 1440
attgcgtgaa aacttataaa acaaatgtta acagaatgga attttttttc aactgtatgt 1500
agggctgcag tgggtggccag aattagatat ctttaaagaa ttttaaatat aataaacact 1560
tcatattatt cgcttggtta cactcaatgc aattctcaag tctataagag gtatgtgctt 1620
aatatttcct actgtgtagg agaatttgca gtcagccata ggtatgtagg aatagtcact 1680
cactggctga tacatttaa gcagcagtg gaatagcaag gacagacacc ttcaatttgt 1740
gaaatcaaag aactgatgca ctatatagaa cgaatttggg tttttaaaga aatattaaaa 1800
gttaggtact gtaagtgttc ttaaacctg taaacttcac tctgtgggct agtgggtgtg 1860

```

gacaaaatat tccct( ,aa aggaagtacc aattagttga ttt( gtg gcattcccct1920  
 tttgggaaag caatgtaagg ttatgtctgt gtatgtcatt cacacccagg caagcataca1980  
 caggcacatg gctttaagaa ccacactgat gccttgataa ttaaaaagaa tacaagcatt2040  
 ccatgtacac atgttaatta gcagtttagtg actgggccaa cactttctca taaaaattgg2100  
 5 ccttttacat gttgtctaata tatcattttt ccccaaattt tgcgtttagt gactactgtt2160  
 cgaagatttt tggagaataa ctgagaacgg cataaagtga agatcgacat ttaaaaaatg2220  
 aggtgaaaga aagctatagt ggcatagaaa aagtataaag ctgagttagt ttttttatta2280  
 ttattattat taaaagttaa ttcaggactg atgtgaccta ccagatttca gaacatgtgt2340  
 taatagtata tatgccactg aaaacttagg tccgttatca tacttttttc ttttaagactt2400  
 10 ttttaagaaat attactttaa catgtggcct gctcagtggt taattgcaag ttttcaatct2460  
 tggactttga aaacaggatt aaacgttagt attcgtgtga atcagactaa gtgggatttc2520  
 atttttacaa ctctgctcta cttagccttt ggatttagaa gtaaaaaataa agtatctctg2580  
 actttctggt acaaagttga ttgtctctgt cattgaaaag ttttagtatt aatctttttc2640  
 taataaagtt attgactctg aaaaaaaaaa aaaa 2674  
 15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

- (A) LÄNGE: 326 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

gacaaatgag ggtttgcat gcagctcgtc atcttaagag ttactatctt cttgccctgg 60  
 tgtttcgccg ttccagtgcc ccctgctgca gaccataaag gatgggactt tgttgagggc120  
 tatttccatc aatttttctt gaccgagaag gagtcgccac tccttaccga ggagacacaa180  
 acacagctcc tgcaacaatt ccatacgaat gggacagacc tacttgacat gcagatgcat240  
 45 gcttctgcta cagcagcccc actgtggggg gcctgatggg tccgacaact gcctctcgcc300  
 aggaagatgc aagtggatta agcaca 326

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

50

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 888 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

ctcgtgcggt gatgttgagc agaagataca attcaaaaga gaaacagcca gtttgaaact 60
gttaccacac cagccccgaa ttgtggagat gaagaaagga agcaatggct atgggtttctal20
tctgagggca ggctcagaac agaaaggcca aatcatcaag gacatagatt ctggaagtcc180
agcagaggag gctggcttga agaacaatga tctggtagtt gctgtcaacg gcgagtctgt240
ggaaacccctg gatcatgaca gtgtggtaga aatgattaga aagggtggag atcagacttc300
actgtttggtg gtagacaaaag agacggacaa catgtacaga ctggctcatt tttctccatt360
tctctactat caaagtcaag aactgcccac tggctctgtc aaggaggctc cagctcctac420
tcccacttct ctggaagtct caagtccacc agatactaca gaggaagtag atcataagcc480
taaactctgc aggtctggcta aagggtgaaaa tggctatggc tttcacttaa atgcgattcg540
gggtctgccca ggctcattca tcaaaagaggt acagaagggc ggtcctgctg acttggctgg600
gctagaggat gaggatgtca tcattgaagt gaatggggtg aatgtgctag atgaacccta660
tgagaagggtg gtggatagaa tccagagcag tgggaagaat gtcacacttc tagtctgtgg720
aaagaaggcc tatgattatt tccaagccta agaaaatccc tattgttccc tgcttggtg780
atgccagttg acagccctgc aggttctaaa gaagggaatag tgggtggagtc aaaccatgac840
tcgcacatgg caaaagaacg ggcggtctatt gcagacggct aatttatg 888

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

atcacagggg tacaaccaga acacatacag tacttgaaaa attattttcca cctttggaca 60  
 cgacagtttag cgcataattta tcactactat attcatggcc caaaaggaaa tgaaatacga120  
 5 acatcaaaaag aagttgaacc tttcaacaat attgatattg aaattttctat gtttgaaaaa180  
 gggaagggtac ctaagattgt ca 202

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

10

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

35

40

45

50

55

ggccggtgga ggccggcggt ggcggcacgga aggggaagcg ctgaggcggt ggggcccaca 60  
 gccatggcgg agctgttgca ggaggagctc tcggtcctgg ccgcgatttt ctgcaggccc 120  
 cacgagtggg aggtgctgag ccgctcagag acagatggga ccgtgttcag aattcacaca 180  
 aaagctgaag gatttatgga tgcggatata cctctggaat tgggtgtcca ttgcccagtc 240  
 aattatcctt catgtctacc tggatctctg attaactctg aacagttgac cagggccag 300  
 tgtgtgactg tgaaagagaa gttacttgag caagcagaga gccttttgtc ggagcctatg 360  
 gttcatgagc tggttctctg gattcagcag aatctcaggc atatcctcag ccaaccagaa 420  
 actggcagtg gcagtgaana gtgtactttt tcaacaagca cgaccatgga tgatggattg 480  
 tggataactc ttttgcattt agatcacatg agagcaaaga ctaaataatgt caaaattgtg 540  
 gagaagtggg cttcagattt aaggctgaca ggaagactga tgttcatggg taaaataata 600  
 cttgatttta ctacaggag acagaaacaa cctcaagggtg tacttgattc ttcagaaaaac 660  
 ctccaaagta gatgtggact caagtggaaa gaaatgcaaa gagaaaatga ttagtgtact 720  
 gtttgaaaca aaagtacaga cagaacacaa aaggtttctg gcatttgaag tcaaagagta 780  
 tttcagcgttg gatgaattac aaaagggaatt tgaaactgca ggacttaaga agcttttctc 840  
 cgaatttgta cttgctctgg taaaatgaaa tgggaagacag gaatctttta gtaaaatagc 900  
 agtgtttttt gttgtttttg cattggattt ggggagtggt taattgaaat agtcaatttt 960  
 aaagttttctc tgaagcaaaa tgataggcat cattctaact tcaggaaaca aagccagttc1020  
 tgttttatga aatattaaac atgaagaaaa cttgtatatt ctaatgtttg ccaggaaagg1080  
 ctaggttcag tagatgagac attattttaaa agataaattt aaaaagatgg taaatgaaca1140  
 cttgtttttta tagacaatat ttgtttgaaa ctatgtaatt ttctggctaa ttttcttgta1200  
 attaaatgat tttttaaaaa aagaa 1225

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1093 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

gagggcgggc ctgtttccgg ggaggcgcggt ggggcttgag gccgagaacg gcccttgctg 60  
 ccaccaacat ggagactttg taccgtgtcc cgttcttagt gctcgaatgt cccaacctga 120  
 25 agctgaagaa gccgccctgg ttgcacatgc cgtcggccat gactgtgtat gctctggtgg 180  
 tgggtgtctta cttcctcacc accggaggaa taatttatga tgttattggt gaacctccaa 240  
 gtgtcggttc tatgactgat gaacatgggc atcagaggcc agtagctttc ttggcctaca 300  
 gagtaaatgg acaatatatt atggaaggac ttgcattccag cttcctattt acaatgggag 360  
 gtttaggttt cataatcctg gaccgatcga atgcacccaa tatcccaaaa ctcaatagat 420  
 30 tccctcttct gttcattgga ttctgtctgt tcctattgag ttttttcatt gctagagtat 480  
 tcatgagaat gaaactggcg ggctatctga tgggttagag tgcctttgag aagaaatcag 540  
 tggatactgg atttgctcct gtcaatgaag ttttaaaggc tgtaccaatc ctctaatatg 600  
 aaatgtggaa aagaatgaag agcagcagta aaagaaatat ctagtgaata aacagggaagc 660  
 gtattgaagc ttggaataga atttcttctt ggtattaaag agacaagttt atcacagaat 720  
 35 tttttttcct gctggcctat tgctatacca atgatgttga gtggcatttt ctttttagtt 780  
 tttcattaaa atatatcca tatctacaac tataatatca aataaagtga ttatttttta 840  
 caaccctctt aacatttttt ggagatgaca tttctgattt tcagaaatta acataaaatc 900  
 cagaagcaag attccgtaag ctgagaactc tggacagttg atcagcttta cctatggtgc 960  
 tttgccttta actagagtgt gtgatggtag attatttcag atatgtatgt aaaactgttt 1020  
 cctgaacaat aagatgtatg aacggagcag aaataaatac ttttttcta taaaaaaaaa 1080  
 aaaaaaaaaa aaa 1093

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 309 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

cacaaagtga ttgtggtatg gaacaatatt ggagagaagg caccagatga gttatggaat 60
tctctagggc cccaccctat ccctgtgatc ttcaaacaac agacagcaaa caggatgagal20
aatcgactcc aggtctttcc tgaactggaa accaatgcag tggtgatggt agatgatgac180
acactcatca gcaccccaga ccttggtttt gctttctcag tttggcagca atttcctgat240
caaattgtag ggatttggtt cctagaaagc acgtctttta ctttcattca aggtatctac300
agttattgg                                     309

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 380 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

```

ctcatctgat cccttttatg gccaaatcat ccttcagagt agggaaact cagacattct 60
gtgcatgttg ttccccaaa gcattggtcat cacaaagtcc tgagttctgg tgtgtgctcc120
cgccctcctgg gtatacagag agaaggcagg aatcaggagt tccagaagca tatacatgtg180
gctaccccag caacaagcgg catcctgtgc tcagataagc tgcattggtt ggaagtgttt240
ttcctcgcac gttgaggctt agtggagatg ggcaaccactg qcatttgctc agaagaaggc300
tggtctggtc ctaactgcat cccacactgc ccagatcatt ctatagataggt tattttctga360
atgtttatag atttcttata                                     380

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1253 Basenpaare

(B) TYP: Nukleotidure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

	gcggcccgac	tccagttagg	agccttgatg	cggagggga	cagtgggtcg	cagagagcgc	60
	cggagggaa	ccgcctggcc	ttcggggacc	accaattttg	tctggaaacca	ccctcccgcc	120
	gtatcctact	ccctgtgccg	cgaggccatc	gcttcactgtg	aggggtcgat	ttgtgtgtag	180
	tttggtgaca	agatttgcct	tcacctggcc	caaacacctt	ttgtctcttt	gggtgaccgg	240
25	aaaactccac	ctcaagtttt	cttttgtggg	gctgcccccc	aagtgtcgtt	tgttttactg	300
	tagggctctc	ccgcocggcg	ccccagtggt	tttctgaggg	cggaaatggc	caattcgggc	360
	ctgcagttgc	tgggcttctc	catggccctg	ctgggctggg	tgggtctggt	ggcctgcacc	420
	gccatcccg	agtggcagat	gagctcctat	gcgggtgaca	acatcatcac	ggcccaggcc	480
	atgtacaagg	ggctgtggat	ggactgcgtc	acgcagagca	cggggatgat	gagctgcaaa	540
30	atgtacgact	cggtgctcgc	cctgtccgcg	gccttgcagg	ccactcgagg	cctaattggtg	600
	gtctccctgg	tgctgggctt	cctggccatg	tttgtggcca	cgatgggcat	gaagtgcacg	660
	cgctgtgggg	gagacgacaa	agtgaagaag	gcccgtatag	ccatgggtgg	aggcataatt	720
	ttcatcgtgg	caggtctttg	cgccttggtg	gcttgcctct	ggtatggcca	tcagattgtc	780
	acagactttt	ataacccttt	gateccctacc	aacattaagt	atgagtttgg	ccctgccatc	840
35	tttattggct	gggcagggtc	tgccttagtc	atcctgggag	gtgcactgct	ctcctgttcc	900
	tgtcctggga	atgagagcaa	ggctgggtac	cgtgcacccc	gctcttacc	taagtccaac	960
	tcttccaagg	agtatgtgtg	acctgggata	tccttgcccc	agcctgacag	gctatgggag	1020
	tgtctagatg	cctgaaaagg	cctggggctg	agctcagcct	gtgggcaggg	tgcgggacaa	1080
	aggcctcctg	gtcactctgt	ccctgcactc	catgtatagt	cctcttgggt	tgggggtggg	1140
	gggggtgccg	tgggtgggaga	gacaaaaaga	gggagagtgt	gctttttgta	cagtaataaa	1200
	aaataagtat	tgggaaacaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaa	1253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 439 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

15

```
ctaaggggag gacaggcaga aaccaggaat gccaaacttaa acctgttttg tgctctgact 60
gtttgttagt atcactctca agaatgaaga gaaacctcaa cctttctgtt tccggccaac120
tttattgaat ttgttttttt aaatgcagtt tacatgcagt ttctttgaaa agtcatgttg180
aatttagatc tgttctctga gtaagacttg gcgagtatgt gaaacttgac tcaagttaca240
tttctttttt tctgtccccc aaacgttcac gcttcttata ggctccactt tgaggctctg300
atgaacattc cagtgtggt gttggatgtc aatgatgatt ttgctgagga agtaaccaa360
caagaagacc tcatgagaga ggtggaagg actttaactc ctgtttttct ggtggtttcc420
ctttggttgt accttttaa 439
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1252 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

45

50

55

```
tggacctgcc cgacgccctg ctgcccgact tgcccgcgct ggtgggcccc aagcagctga 60
tcgtgctggg aaacaaagtg gacctcctgc cccaggatgc tcctggctac cggcagaggc 120
tgccggagcg actgtgggag gactgtgccc gcgccgggct cctgctggcc cctggcacca 180
agggccacag cgccccgtca aggacgagcc acaggacggg gagaatccga atccgccgaa 240
ctggtccgcg acagtgttca gggacgtgcg gctgatcagc gccaaagacc gctatggagt 300
ggaagagttg atctctgccc ttcagcgctc ctggcgctac cgtggggacg tctacttagt 360
gggcgccacc aacgcgggca aatccactct cttaacacg ctctggagt ccgattactg 420
cactgccaaag ggctccgagg ccacgcagac agccaccatc tcccttggc cagggtactac 480
attaaacctt ctgaagtctt ctatttgcaa cccaactcct tacagaatgt ttaaaaggca 540
tcaaagactt aaaaaagatt caactcaagc tgaagaagat cttagtgaag aagaacaaaa 600
tcagcttaat gtccctcaaaa agcatgggta tgtcgtagga agagttggaa ggacattctt 660
```

gtattcagaa gaacagaa ataacattcc ctttgagttt gatgctg cacttgccct 720  
 tgacatggaa aatgaccctg ttatgggtac acacaaatcc accaaacaag tagaattgac 780  
 tgcacaagat gtgaaagatg cccactgggt ttatgacacc cctggaatta caaaagaaaa 840  
 ttgtatttta aatcttctaa cagaaaaaga agtaaataatt gttttgcca cactgtccat 900  
 5 tgttccaaga acttttgtgc ttaaaccagg aatgggtctg tttttgggtg ctataggccg 960  
 catagatttc ctgcaggga atcagtcagc ttggtttaca gtctgtggctt ccaacatcct 1020  
 ccctgtgcat atcacctcct tggacagggc agacgctctg tatcagaagc atgcagggtca 1080  
 tacgttactc cagattccaa tgggtggaaa agaacgaatg ggcaggattt cctcctcttg 1140  
 ttgctgaaga cattaatggt taaaagaaa gactgggggc aacctggaag cagtggggccg 1200  
 10 acatcaaagt ttcctctgca ggtaatttta tgccaagcac tttttaaaaa gt 1252

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 695 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

tgttcattgc ctctgagcg tagtccagtt actttcaggc tcggggagtg aaggcctcgt 60  
 tgagagaagg tctcattcgg tgttttggga agagagtcgt gtggggccag gtatcgtagc 120  
 ggcgacacga gagagacggg cgggttgaca gccttcact acctgcacga gtgtattggt 180  
 ctgtctgcta tcagctatgc cgctgcccgt tgcgctgcag acccgcttgg ccaagagagg 240  
 catcctcaaa catctggagc ctgaaccaga ggaagagatc attgccgagg actatgacga 300  
 tgatcctgtg gactacgagg ccaccagggt ggagggccta ccaccaagct ggtacaaggt 360  
 gttcgaccct tctgcgggc tcccttacta ctggaatgca gacacagacc ttgtatcctg 420  
 gctctcccca catgaccca actccgtggt taccaaatcg gccaagaagc tcagaagcag 480  
 45 taatgcagat gctgaagaaa agttggaccg gagccatgac aagtcggaca ggggccatga 540  
 caagtcggac cgcagccatg agaaactaga caggggccac gacaagtcag accggggcca 600  
 cgacaagtct gacagggatc gagagcgtgg ctatgacaag tccaggaacg ggattcggga 660  
 ccgcgggtat gaccaagcag accgggaaga gggcc 695

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2514 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

cggcgacggc gcgggggcag ctgggaatcc ggaatgctgc ccgatggccc tgggtcctcg 60  
ctgtggggca atccgggctt gcagacgagt tttagaaaga gcgttttcgc tacgtaaagc 120  
acattcgata aaggatatgg aaaatacttt gcagctggtg agaaatatca tacctcctct 180  
gtcttcacac aagcacaaag ggcaagatgg aagaataggc gtagttggag gctgtcagga 240  
gtacactgga gcccacatatt ttgcagcaat ctcagctctc aaagtgtgac agccccaatg 300  
ctgttcacga ggtggagaaq tggctgcccc ggctgcatgc tcttgctgta ggacctggct 360  
tgggtagaga tgatgcgctt ctcagaaatg tccagggcac tttggaagtg tcaaaggcca 420  
gggacatccc tgtgtcatc gacgcggtga gttgacttct ctcctcctgg ctcggactcc 480  
cggaaggcct gtgcagtgaq cacggtcctt tgttctgtgc aggatggcct gtggtaggte 540  
gctcagcagc cggccctcat ccatggctac cggaaggctg tgctcactcc caaccacgtg 600  
gagttcagca gactgtatga cgctgtgctc agaggcccta tggacagcga tgacagccat 660  
ggatctgtgc taagactcag ccaagccctg ggcaacgtga cgggtggtcca gaaaggagag 720  
cgcgacatcc tctccaacgg ccagcaggtg cttgtgtgca gccaggaagg cagcagccgc 780  
aggtgtggag ggcaagggga cctcctgtcg ggctccctgg gcgtcctggg acactgggag 840  
ctccttgctg gaccacagaa aacaaatggg tccagccctc tcctgggtggc cgcgtttggc 900  
gcctgctctc tcaccaggca gtgcaaccac caagccttcc agaagcacgg tcgctccacc 960  
accacctccg acatgatcgc cgaggtgggg gccgccttca gcaagctctt tgaaacctga 1020  
gcccgcgcag accagaagta aacaggcacc ttggacgggg gagagcgtgt gtgtgatggg 1080  
aaaatccgga cccacgcgtg tgctgaaggc gtacggtgct tgccagattt tcaacttgag 1140  
cataaattgg ttgccattga gaatttaaga atctggaata ttgcagcttt tgggttaaact 1200  
taatgcatgg ttggagatgt tatggcgaca ctaaacaag tattcctgaa ctttccttag 1260  
ctccttggtg gtaactggga agacagaaat gaagaaaatc acatgagaat gaagaattct 1320  
ttagcagctc aacagagttt ctcggcctgc tcccagatcg gcgaagtttc tacttgttac 1380  
tctctctgcc ggcgcccttc gttcctcctc cctgagtcct gactgcaact actgggtcca 1440  
gggagctggg caggggtccc cgggtgtctc cctgagtcct gactgcaact actgggtcca 1500  
tcagagggct gcttcgttct ccagctcatc ttctttttaa gtggtgacta gcttggtggg 1560  
atctggctgc tgggtgtttg cttattgaca tactccaggg taatcaatga tgactttgtt 1620  
tggaaccctt tttggaggca ccatgggaac agaaggaaac atgagtgaag ctgacccttg 1680  
agtgtgtggg tggggagctc tgagacgctt cctgtccac gctctccggg gtccgtgtct 1740  
acacaggggg ccccatgata cccaccggcc ccagcagggc agaccggacc ggggacgggc 1800  
acgggtgaagg gctgcagcct ggggtctgac gtggccccta gtgctgtctc aggagaaggc 1860  
tctggaggac ttgaggcatg ctgggcctgg tgcagtgatg gcgctaagga gaccggggga 1920  
aagacagtat cgtggtcacg tatgcttagg aagcagcaca gccgtgtcct tagggatgtt 1980  
cgcgtccagt aaagacactg gtaactgcgg ttccagccaa cactcttcat ggcagtgtcg 2040  
acctcgggtt agcttctgtt gtctttgtgg atggttttcc tggagcggcc tgagcttgac 2100  
gtgttctctg gtcccatgtc ttagcggggc atggtacggt ttcgtgcctg acgcgtgcat 2160  
tagggtgttc tcttatactt tcagtagcat ctttccacag caagggccaa accctcctgg 2220  
ttcccttcag agtctttttg gcctgatgat gactcttgag tgatgcagac 2280  
atgccccaga tggattctac tttcttttaa actagggaact ttcaagatta aaaaaaagat 2340  
tgtcactact aatttgacgc ctaacttcag aagcttcact gtctacatgt gaacttttcc 2400  
agaaaaactg tgccatggac atttttcttc tggggaatta acatctaaat tctggttaact 2460  
attaaaagac agatctgggt aatttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataaa aaaa 2514

60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 274 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76
- ```

25  cagagatctg ctgtgattat tccttttcac aaaccacaat gactctggaa aacctggctg 60
    taaacaccag cactgccacc agctaaggat ctgtgatcag gactgccatc tcacggtaac120
    aggcagaaga caaaagtgaa accgggctga tgcgaatcac tgggaaactg gctttggcac180
    ctccagagaa tgaactgttt catagcctag ctgaccatcc atgaaaatgg ctgcctggag240
30  aggcagtgat cagcccatcc cctgcaagggt gaag                                274
  
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 449 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

5 cggggttttagc ggcagctctt cgggattggt tccattgcc aacctaacgt gctggcctat 60  
 gaacgggtaca ttcgcgtggg ccatgccaga gtgatcaatt ttctctgggc ctggagggcc120  
 attacctaca tctgggtctta ctcaactggcg tgggcaggag cacctctcct gggatggaac180  
 aggtacatcc tggacgtaca cggactaggc tgcactgtgg actggaaatc caaggatgcc240  
 aacgattcct cctttgtgct tttcttattt cttggctgcc tgggtgtgcc cctgggtgtc300  
 atagcccat gctatggcca tattctatat ttccattcga atgcttcgtt ggtgtggaag360  
 10 atcttcagac aattcaagt atcaagattt taaaatatga aaagaaactg gccaaaatgt420  
 gcttttaatg atattcacct tctgtgtcg 449

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 346 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

40

atataacatc tgaattggga gatagctcat tgtggcctgg gtgctggact ttcatatta 60  
 agtcctgtct tagccaaggg agaagaatgt aaggataaga ccaccaatat cacaggggct120  
 gtctgagcct ttacctgtga tttgtacca ctctgtggcc ttctggagca atggacaacc180  
 aagtcagcta tgcagttcat aaaagtggac ctggttatat gtcaccaac agcatatggt240  
 ccctgcaagc ctgttttgga agccaatatt ctataaccta caggaatcca cttgaatctg300  
 atgtctttgg aagcaatata ttttccagg gttccaatgg actacg 346

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE: 1329 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

15 ccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60  
gtctcagaga gtaccacagt gctccagccc ttctcccca gcatccttga tggcttaatt 120  
cacctagcag ccagttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcac 180  
gtttgtacag tagacccga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240  
atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300  
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt caggggccaa tgcaaatgag gctgattccc 360  
actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420  
ccattgatat cctgacaaca gtagtacgaa atacaaagcc tcccccttcc cagcttctca 480  
tctgccaaagc ttccctgtct gtggcacagt gtacccttca cacagatgac aatgccatca 540  
gtgcagaatg gcggagagtg cttgcggggc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600  
25 cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660  
ctcctggacc cccgcacctc agagtctact gcggcctttg tgggcgcgct tgtttccacc 720  
ctcatctcca aggagggcg ggaactcggg gagaatctag accagattct tcgtgccatc 780  
ctcagtaaga tgcagcaggc agagacgctc agtgtcatgc agtccctgat catgggtgtc 840  
gctcatctgg tgcacactca gctagaacct ctcttggaat tcctgtgtag cctcccagga 900  
30 cctactggca aacctgctct agagtttgtg atggctgagt ggacaagccg acagcacctg 960  
ttctatggac agtatgaagg caaagtcagc tctgtggcac tctgtaagct gctccagcat 1020  
ggcatcaatg cagatgacaa acggctacag gatatccgtg tgaagggaga ggagatctac 1080  
agcatggatg agggcatccg caccgctct aagtcagcca aaaaccaga acgctggacal 1140  
aacattcctt tgctggtcaa gatcctaaag ctgatcatca acgagctctc caacgtcatg 1200  
35 ggaggctaag gccgctccgc caggccactc ctgcagagtg ggagtcaaag gtgcacgaag 1260  
gcccttact tcccaggaag acttttagcc tgggcagatc aagttacaaa ttgtcaaatt 1320  
atccaggaa 1329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 805 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

gcccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60  
gtctcagaga gtaccacagt gctccagccc ttctcccca gcatccttga tggcttaatt120  
cacctagcag cccagttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc180  
10 gtttgtacag tagaccccgga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc240  
atcgccattt tcttaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc300  
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc360  
actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca420  
cccattgata tcttgacaac agtagtacga aatacaaagc ctcccccttc ccagcttctc480  
15 atctgccaag ctttccttgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc540  
atgcagaatg gcggagagtg cttgcggggc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc600  
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag660  
ctcctggacc cccgcacctc agagtctact gcggcctttg tgggcgcctt ttgtttccac720  
cctcatctcc aaggcagggc gggaactcgg ggagaatcta gaccagattt cttcgtgcca780  
20 tccttcagtt aagatggcag gaggt 805

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 420 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

45 accagggtcaa gctcacccca aactattacc ttgatgcat gtgttgtcat accctgtgga 60  
gatctccaaa gtcaaaagca actgtcagac tcagagaagt atctgtgccc ctttaagata120  
aaaggctccc cctatcaaga ccttgttcc ttaacgaatg caggaaaaca ggtctgccat180  
agctggaatg aggtggtgtg gacaactgaa tatcaaggct gacctcgtc aaccggtggt240  
50 tgtatgtcct taaaaccata cattcacttc actaaagaaa gtacccccc taattgccag300  
tataaccaat gtaatccagt gcaaatttct attctcattc caacttctac tgaccctaaa360  
cctactttaa gttgcggtat atggcatggg agccgaaata gcaggggcac atcttattgg420

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2143 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

25 cgccgcgcct tttttttttt ttttttaagt tgaacagaac atttttatctc tcagcaattc 60  
 tatgcgtaca aattaaacat gagatgaata gagactttat tgagaaagca agagaaaatt 120  
 cctatcaacc ccaaggagga ctcaaagtga ggctggaaga ggacttagaa gagtatgaaa 180  
 gtactctaag atttttatcta agttgccttt tctgggtggg aaagtttaac cttagtgaact 240  
 aaggacatca catatgaaga atgtttaagt tggaggtggc aacgtgaatt gcaaacaggg 300  
 cctgcttcag tgactgtgtg cctgtagtcc cagctactcg ggagtctgtg tgaggccagg 360  
 ggtgccagcg caccagctag atgctctgta acttctaggc cccattttcc cctctgaaaa 420  
 30 taagagggtt ggatcaaacg atctctgggg ccttagcatc tcaaatcctg tggatcctcc 480  
 tacttaccoc ttagagagcc ttactgggaa gtcagtcatt aatgatgtgg ccagttatct 540  
 gcaagtggta agagcctatt taccataaat aataactaaga accaactcaa gtcaaacctt 600  
 aatgccattg ttattgtgaa ttaggattaa gtagtaattt tcaaaattca cattaacttg 660  
 attttaaaat cagttttgtg agtcatctac cacaagctaa atgtgtacac tatgataaaa 720  
 35 acaaccattg ttttctgtt tttctaaaca gtcctaattt ctaacactgt atatatcctt 780  
 cgacatcaat gaactttgtt ttcttttact ccagtaataa agtaggcaca gatctgtcca 840  
 caacaaactt gccctctcat gccttgccctc tcaccatgct ctgctccagg tcagcccccct 900  
 tttggcctgt ttgttttgtc aaaaacctaa tctgtctctt gcttttcttg gtaatatata 960  
 ttttagggaag atgttgcttt gccacacac gaagcaaagt aaataaagac cacaatgtt1020  
 caaattctaa gccacttaat agcgttttgt acattaaaaa tgacaagggt tattatacaa1080  
 gtagcctttt aaaaaattct cacacagaac agctttgtat ttagacttaa agctgttgct1140  
 actttgctag tgacgtttgt gttaacagtc agtgctctag gccattgatt gattgattgt1200  
 cagaatcaga agtgactaca caagagcatt agccagactt ttcagtgaac acaggtaaca1260  
 ggctggcacc agcacttggc acagcacgtg gacaggacga cggaaccag agttctctgt1320  
 45 ctctccttca cagcagatgg actcttctat aggtggctgt taatttagac aaagttatat1380  
 tccagaatca ggaagcccg tgtcgcaaac acttgaagga gaactatgtt ccagttttgg1440  
 tgttgaacct ctacagaaat acctactacc aaaaattgtg acaccttatt agacacttcc1500  
 aaagtacccc ccaaaagctg tttaaaagac cattccattt tttctacac aaagtgcata1560  
 ctaaaatttc acaataatca tcttcagatg tacattttat ttagtacatt tcacagtttt1620  
 50 cagtattcag tccctcatga acattttata gtcactctct cgccctgtt gtgaaatatg1680  
 tgattccagt tcaattcaga gtgtatgatt ccgcttttca ogctgatcaa gtaaaatttat1740  
 ggtgtctctt ttctgatctt caacattaaa aacatctatg tttctgtcat tccctgccag1800  
 ggctgcttgc ttgtctgtct cagattctgc ttcatcttca tccatgttgt agtcatcttcl860  
 tccctctcagt ttctgtctgt ttctcccttc ccgggcagct tccctgtcct cctcctgtcc1920  
 55 gtcgggggatg acaagctggc ctgcgtcagg gccctccatc tctggatttt cctggctcac1980  
 tgacagggca gcctgcacct gtgggtctct gccagttct ccggctcccc cgaagcctct2040  
 tccacctaca ggtctgtctt caacacctgc tcccgccctg gctcctgcgg cagcctgtcc2100  
 ctctgagggt ccgatcaaca ctgatctcat ggttcccttc cca 2143

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 450 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

25  
 ttttttttaa gccagctttt cttcagattt ttttggtggg caggctcgtga aagacagggtg 60  
 aggaagtaga tcttgaggctc agcatgcctc taaaagtata atttcttttt tttaatgtgg120  
 aaagaaatgc ataactctgt ttctgttctt gtccccctct ctgcctctgt ggtgcctgag180  
 atactgggga tcccacagct ggggccactc agaggctacc aggaacgctt ccagtttgca240  
 30 tctggctgtt agtgccagga ccagaaaccc acagacctct tcacagacct cctgaccgtg300  
 atgtccctga agcctggaag gtgtccacac aatgaagcag aattgagtga tgggggtgtt360  
 tgtggaaccc agtgaaactg tgtaaacaca gtggaactgt gttaattttg agtgggaagt420  
 caagttccgt ggagttcatt gggcccgttt 450

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 408 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

5  
tgcaactgtg caccagcgtt gccagatttt tccccattac acccccagtg tggcatatcc 60  
ttgggtcccca gaggcacacc ccttgatctg tggacctcca ggcttgaca agaggctgct120  
accagaaacc ccaggccctt gttactcaaa ttcacagcca gtgtggttgt gcctgactcc180  
tcgccagccc ctggaaccac atccacctgg ggaggggcct tctgaatgga gttctgacac240  
10 cgcagagggc aggccatgcc cttatccgca ctgccaggtg ctgtcggccc agcctggctc300  
agaggaggaa ctgaggagc tgtgtgaaca ggctgtgtga gatgttcagg gctagtcca360  
accaagagtg tgctccagat gtgttggggc cctaacttgg cacagagt 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

15

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 311 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

40

tacagttttt atcagtgatc acatttttagt gtaatacatg aaactgaggc ttgatagaaa 60  
acaggagaga aggcagtagt gcatggggta catagggaga tgagggaag catcaccaag120  
gagcggcagt gagatagacg ctctcatgga ctgctgcttt acaacctccc tggagagcaal80  
tttaaaaata tgaatcaaga tctttttgat ccactaatca tccagaaatc tacacagaaa240  
tatgcacaaa aatatgtggg catccattga ctttccaacc tcttctcttt ccagggggaa300  
tattccttaa a 311

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 487 Basenpaare  
50 (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

15 gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tgggtcaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60  
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtggc cagaatcata agccctgacc120  
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180  
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240  
ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300  
aatccattct gattgggttg agtctatgct ataccagttg ttaaaccattt tgagtatcac360  
tcttgcatat tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc attttttagga420  
tattaaaggc tctgaaaatt tctgcagtag acccaactga aggttctatt aaggcagggt480  
tcctaaa 487

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1902 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

50 gagggaaaaag aacaatgaac agcaacgata ttgactgtgc aactcagaca ttctgcaga 60  
aaagacatat gttgctttac aagaaggcca aagaactatg gggccttccc agcatttgac 120  
tgttcattgc atagaatgaa ttaaataatcc agttacttga atgggtataa cgcataaatg 180  
tgtgatatta ttaggggcat ctgccaatc tctcaactgtg gttccttctc tgactttgcc 240  
tgttcacat ctaaggaggc tagatccttc gctgaacttca ccattcctca aacctgtaag 300  
55 tttctcactt cttccaaatt ggctttggct ctttcttcaa cctttccatt caagagcaat 360

ctttgctaag gagtaag atgtgaagag taccaactac aacaatt cagataatta 420  
 gtggattgtg ttgtttgttg agagtgaagg tttcttgga tctggtgcct gattaaggct 480  
 tgagtattaa gttctcagca tatctctcta ttgtcttgac ttgagtttgc tgcattttct 540  
 atgtgctggt cgtgacttgg agaacttaaa gtaatcgagc tatgccaact tggggtggtg 600  
 5 acagagtact tcccaccaca gtgttgaag ggagagcaaa gtcttatgga taaaccctcc 660  
 tttcttttgg ggacacatgg ctctcacttg agaagctcac ctgtgctgaa tgtccacatg 720  
 gtcactaaac atgttatcct taaacccccc gtatgcctga gttgaaaggg ctctctctta 780  
 ttaggttttc atgggaacat gaggcagcaa atctattgct aagactttac caggctcaaa 840  
 tcatctgagg ctgatagata ttgacttgg taagacttaa gtaaggctct ggctcccagg 900  
 10 ggcataagca acagttttctt gaatgtgcca tctgagaagg gagaccagg ttgtgagttt 960  
 tcctttgaac acattggtct tttctcaaag ttctgacct gctagactgt tagctctttg 1020  
 aggacagggg ctatgtctta tcaatcacta ttattttcct gttacctagc atgggacaag 1080  
 tacacaacac atattttgtgt agtcttctaa aagactcctc tgattgggag accatatcta 1140  
 taattgggat gtgaatcatt tcttcagtgg aataagagca caacggcaca accttcaagg 1200  
 15 acatattatc tactatgaac attttactgt gagactcttt attttgcctt ctacttgcgc 1260  
 tgaaatgaaa ccaaaacagg ccgttgggtt ccacaagtca atatatgttg gatgaggatt 1320  
 ctgttgacctt attgggaact gtgagactta tctggtatga gaagccagta ataaacctt 1380  
 gacctgtttt aaccaatgaa gattatgaat atgttaatat gatgtaaatt gctatttaa 1440  
 20 tgtaaagcag ttctaagttt tagtatttgg gggattggtt tttattattt ttttccctt 1500  
 tgaaaaatac tgagggatct tttgataaag ttagtaatgc atgttagatt ttagttttgc 1560  
 aagcatgttg tttttcaaat atatcaagta tagaaaaagg taaaacagtt aagaaggaa 1620  
 gcaattatat tattcttctg tagttaagca aacacttgtt gagtgcctgc tatgtgcacg 1680  
 gcatgggccc atatgtgtga ggagcttgct taattatgta ggaagcaata gatctcggt 1740  
 gttacgtatt gggcagatac ttactgtatg aatgaaagaa catcacagta atcacaatat 1800  
 cagagctgag ttatccccag ttagcttctg ttggggattc cagtttcttg gaacgagagt 1860  
 tagggccatt ttatttaaaa gaaactcccc gttgagaccg gt 1902

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

30

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1048 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

55

ctccacgctg tctacacgct gttctacgct ctgctcttctg tgttcatota cgtgcagctc 60  
 tggctgggtg tgcgttaccg ccacaagcgg ctccagctacc agagcgtctt cctctttctc 120  
 tgcctcttct gggcctcccg gcggaccgtc ctcttctcct tctacttcaa agacttcgtg 180  
 gcggccaatt cgctcagccc ctctgctctc tggctgctct actgcttccc tgtgtgctg 240  
 cagtttttca cctcagct gatgaacttg tacttcacgc aggtgatttt caaagccaag 300  
 tcaaaatatt ctccaqaatt actcaaatac cqgttqccc tctacctggc ctccctcttc 360

atcagccttg tttt jtt ggtgaattta acctgtgctg tgc( aaa gacgggaaat 420  
 tgggagagga aggttatcgt ctctgtgoga gtggccatta atgaucgct cttcgtgctg 480  
 tgtgccgtct ctctctccat ctgtctctac aaaatctcta agatgtcctt agccaacatt 540  
 tacttgagtg ccaagggtc ctccgtgtgt caagtgactg ccatcggtgt caccgtgata 600  
 5 ctgctttaca cctctcgggc ctgctacaac ctgttcatcc tgtcattttc tcagaacaag 660  
 agcgtccatt cctttgatta tgactggtac aatgtatcag accaggcaga tttgaagaat 720  
 cagctgggag atgctggata cgtattattt ggagtgggtg tatttgtttg ggaactctta 780  
 cctaccacct tagtcgttta tttcttccga gttagaaatc ctacaaagga ccttaccacac 840  
 cctggaatgg tccccagcca tggattcagt ccccagatct tatttctttg acaaccctcg 900  
 10 aagatatgac agtgatgatg accttgccctg gaacattgcc cctcagggac ttcagggag 960  
 gttttgctcc agattactat gagttgggga caacaaacta acagcttcct ggcagaagca 1020  
 gggacttttg aaagcctcaa agtttgga 1048

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 804 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

40

45

50

gcccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60  
 gtctcagaga gtaccacagt gctccagccc ttcctcccca gcatccttga tggcttaatt 120  
 cacctagcag ccagttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatt 180  
 gtttgtagag tagacccga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240  
 atcgccattt tcctaaagta cagtaattgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300  
 ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360  
 actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420  
 gccattgata tctgacaac agtagtacga aatacaaagc ctcccctttc ccagcttctc 480  
 atctgccaa gcttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc 540  
 atgcagaatg gcggagagt cttgcggggc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600  
 cagtggcatg atgagcagg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660  
 ctcttgagcc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggcgcctt tgtttccacc 720  
 ctcatctcca aggcaggcgg ggaactcggg gagaatctag accagatttc ttcgtgccat 780  
 ccttcagtta agatggcagg aggt 804

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

55

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 581 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: ☐ el  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

tctttgatca gatttagtgt cttaggtaat taaatcagaa agtctatttta gctattctag 60  
 aagtgtatgt gtaggtattg ggtggttggg gttctttgag cgaacttgtc agaaactcca120  
 ttcttaacat cagaatcagg gcaggattga aaacattgtg gctggatcctt gaaattgcta180  
 taacatctat tgcagaaaat gataggtcag atggatagca ataataatta tataatcagat240  
 cttagtaaca aaattaccaa gctttatcta gtggatatat gtaaaagaat atttttaaat300  
 25 gtccagcatt gatgtatttt cttaagaat tattacagta tataagcatt ctttgggaat360  
 acagtataaa aacataaaatt ttttcgtatt ttaatttttt ttattttttt tggccaagga420  
 tgaatcctcc cctgtaaaat attgattttc gcctaaattt cgggggtttcc ctggcacata480  
 atagcactgg cccaacttc ggagatggcg gatgcgggta aaaagccaaa aggatggatg540  
 30 gggatccgga aatacgtggt ggaatggaag cgaatccaat a 581

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare  
 35 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

5 tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60  
 ctttggggtt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggaat agcagactcc tccagctaag 120  
 agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180  
 aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccacccacag aggaggggtgt 240  
 gaagccttga gaacctcaag aaagggtgtg attctgccat acccttgggt ctaccttggg 300  
 actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgtccctg ccacccacgc acttgcctgag 360  
 gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcattccaag gagttcaggg ccctgcttgg 420  
 agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480  
 10 gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540  
 gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600  
 ggtagggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aagggtgggtt 660  
 acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720  
 aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttcta tctgttacta tcccaagcct 780  
 15 ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840  
 ccattccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900  
 catgctcatt taggaagctg ggagtttctg gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960  
 ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag 1020  
 agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttaggggt ttgtgaggat 1080  
 20 tcagtgttta gcacagtgt tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat 1140  
 tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttctgt tgattcaaaa 1200  
 ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt 1260  
 agagtagccc agttctcggc ctaccctgtt ggttgggatc ttactgtatt cttgaatgca 1320  
 ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga 1380  
 actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttacccca 1440  
 tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta 1500  
 aaatgggttc tctggcagac tgcacccctt gagtcaaagt taacagtatt ctttgaatg 1560  
 caataataga ggcttttctg cgttaaggga gaaggaaatga ccaattgaac ttacacattc 1620  
 30 cccaggcagg tccctttgct ggcctctaca ggctggggtg gcccctcctg tctcagggal 1680  
 tcagactccc agactggtta gttctgcatt tttccatcaa attaaaggtt attccctggc 1740  
 cgctccttg agaaaaccaa cccacccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg 1800  
 gctctcaga acagctccta gaggtgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaa 1860  
 tatcggtttg ctttttgtt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc 1920  
 aaagttttat ctatctcctt atctcctgct ctgtcttggc acaactctgg atagattgca 1980  
 35 ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga 2040  
 ag

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

40

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 430 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

5 gttaaaaacc tagtattcat tttttttttt cctgtaccaa aacaatcatc ttccttttatt 60  
 tttcctggag cgggaagagg agagtggaga agaagggaag aatgcaaagt gtcactttga120  
 acttctcgtt caccacacac gtgggagttc actcatgtca gcagcctccg tgcacaggcc180  
 ccagggtgaaa gaaagaatga ggtctagttg gaccagctaa cactgcctgc cttgtgttta240  
 cgaaaggcag ctgcctctgt ggtgtgattt caggggagcc agacagggcc ggggccacga300  
 acctgcctcc tgcctcctaa gcacctattt gccatgcggt gaggtttaac ttgggaaact360  
 10 tcaatttgct tggggtgcag attagctttc caaactattg tgatgctcat gcttgacttc420  
 ccaaggactt 430

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 592 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

40 aattaaaaata aatagaaaca tacggagatt cttttatggt ggatttatta taccctccac 60  
 catttttggtc cctgaaaagg gaaaagatac acggctcgagt agtacaggta tgtgtttccc120  
 actacacatt atggctataa tggagttgaa ttgcaaacag taaaattttg ttttggattg180  
 gtttccccctg atccccccag acaggagctt cctctcccac cctacctgcc tgcccttaag240  
 ttgtgtccta ttaaactgga cacaaatctc accggctttt agtctaataa ttgaatcata300  
 gctacacacg gtgacaccag aatagctact tgttttttta tgttaccagt gagtaacttg360  
 tttatccttg tatgtagaaa ctaatttcac catgatcaca gatctgtgta acatctctag420  
 tttgaatttc cacacaattt taaaatgtct actaggaaaa cttacacctt tttgttccaa480  
 45 gggtgctctt catctattaa aaccgtgggg gcatacttcc agtggttgctt ctgaggggcca540  
 aattttgtgg gtcgtggggg acaattttgt attaacatac gttattttgt aa 592

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

50

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 674 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
10 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

aaggccgcgc aagtgcactt gcgtgtcacc gttaccgtag cgactgggct tctggactgt 60  
atattcctagc tgccttgcca acatcttcga gcatcggcag ctccggaggc cggggtaact120  
ggcagcaggt aggaaactat gtgaaagaat ctctgatgt cataatttcc ggggtgtcacc180  
ggaacatttg atcatcattc ctttggaat tccagccttc tgtggaaagg ccagtagaaa240  
gcattgattt attcacctct acaggaatca gactcagcct cttttggttt tcagtgaagt300  
atgccttttc aatttggaac ccagccaagg aggtttccag tggaaggagg agattcttca360  
attgagctgg aacctgggt gagctccagt gctgcctgta atgggaaggga gatgtcacca420  
25 accaggcaac tccggagggt ccttggaagt cattgcctga caataactga tgttcccgtc480  
actgtttatg caacaacgag aaagctacct gcacaaagca gcaaggaaaat gcattcctaaa540  
tagcaccatt aagtcttttg tcaaggtctg actagggtcaa gggtaatgga ccagtatcat600  
ctgggtgatct ggtaaacaaa taaaagtggc ggcaccttta gatgatgaaa aaaaaaaaaa660  
30 aaaaaaaaaa' aaaa 674

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
35 (A) LÄNGE: 324 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

gttctttttca ttccatcact ttaggtgatg ggtaagattt ttgaaagcct tatatttttt 60  
 gattttgttg tctagtttaa tctaccttt aatagtgtg tttggtaaaa ttcccacttg120  
 aatgtgacac tgataataat tatgctgatt tttagcatct cttataggaa tcaaagttta180  
 5 ttaaagttac atagaggatt gaaaaatgta tatcactcaa tttttatcta aggagggata240  
 gggatataaag ggaggtacct aaatagctca aataatggat ataatcctt tttccataac300  
 catttgggat gctttaaggc aatt 324

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 709 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

35 ggatgcggca ctataacatc cccgtcagag tgtgtgagga gaccagtcta tgagagacgc 60  
 atgctcctga cagcctggcg acgtggcgaa gatgcacagg tggctcctgg gcttgggctg120  
 caggtttggg ggtctctaag aacaatctct gagaagaacc cttgggcccc tgggagccaa180  
 gttggacagg atgtcctgaa gactagcttt tgataagaga aattaaccaa gtctttcccc240  
 tcatctatga tgcaatatat ttcagtgggg gccttcagag cacacctgtt ggacggtgca300  
 aaccatatct tctccagaag gcaaatactt ttgtatcaga ggaaactcag ttttgagag360  
 40 gaatatgttc tttatatctc aaatcaaaac tctctctaag ggtaaactgg cttctaattt420  
 ttttaagtac agtatttttt tttccccttt agtagtaacg ggtttctata gatcttcta480  
 tacagtctgc ttttaactcag gaccttgaga ttatgagact gacgtgctgc ccactgcact540  
 gagggggctt ctaacagtct gctttaagtg gtataattct gggatagatc tgttactggc600  
 atagtcatga caacctctgg taatcttacc ttctcctttt tatgaaggga agagcaatgg660  
 45 tttggactta catctaaatt aaggctatth taagcagatt gttttgcaa 709

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 562 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

15

```
gtccagatgg aatgactccc atcctctcct catctcccct ttgacgagcc tcaaaactgct 60
cagctcatca aagagccatt gccaaacttc gtatgtggtt ctgggtccca gggagccttg120
gaacctggca cctgggggtg gtttaattcc ggcacgagag cattcctgct tctcaaggga180
cacagtggcc tgcattggcc agcatggacc ctgggctgat catgtgcatt cctgcttctc240
tggggacaca gtgggcccac atggqccaqc atggaccctg ggctagagca agcacatctc300
catctcttcc acctcaggca gtgtgggtcc agatgtcagg agggactgac ctccaggacct360
tccaggttcc tctgtgccag gaatgagagg ccaggcccga tcctaccacc tcgccttgac420
cctgaagtca gaggaggcca gccaaagcagg aagcacactg tttaattttt tgcattggaaa480
gtaaatgtgt actttgatag ggttaaaata tggctctttt taagttgctc aaccccataa540
tttgagccat tgccttgctc aa 562
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1948 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

50

```
gatacccaag acacacaaag tagaccttgg gctcccagag aagaaaaaga agaagaaagt 60
gggtcaaaaga ccagagactc gatactcagt tttaaacaaat gatgattact ttgctgatgt 120
ttctccttta agagctacat cccctcttaa gagtgtggcc catgggcagg cacctgagat 180
gcctctagtg aagaaaaaga agaagaaaaa gaagggtgtc agcacccttt gcgaggagca 240
```

5 tgtagaacct gagacca tgcctgctag acggacagag aagtcac gcctcaggaa 300  
 gcagggtgttt ggccacttgg agttcctcag tggggaaaag aaaaataaga agtcacctct 360  
 agccatgtcc catgcctctg gggtagaaac ctccccagac cctagacagg gtgaggagga 420  
 aaccagagtt ggcaagaagc tcaaaaaaca caagaaggaa aaaaaggggg cccaggacc 480  
 cacagccttc tgggtccagg acccttggtt ctgtgaggcc agggaggcca gggatgttgg 540  
 ygacaattgc tcagtgggga agaaggatga ggaacaggca gccttggggc agaaacggaa 600  
 gcggaagagc cccagagaac acaatgggaa ggtgaagaag aaaaaaaaaa tccaccagga 660  
 gggagatgcc ctcccaggcc actccaagcc ctccaggtec atggagagca gccctaggaa 720  
 aggaagtaaa aagaagccag tcaaatgtga ggctccggaa tacatcccca taagtgtatga 780  
 10 ccctaaggcc tccgcaaaga aaaagatgaa gtccaaaaag aaggtagagc agccagtcac 840  
 cggaggagcca gctctgaaaa ggaagaaaaa gaaggagaga gagagtgggg tagcaggaga 900  
 cccttggaag gaggaacacag acacggactt agagggtgtg ttggaaaaaa aaggcaacat 960  
 ggatgaggcg cacatagacc aggtgaggcg aaaggccttg caagaagaga tcgatcgcga 1020  
 gtcaggcaaa acggaagctt ctgaaaccag gaagtggacg ggaacccagt ttggccagt 1080  
 15 ggatactgct ggttttgaga acgaggacca aaaactgaaa tttctcagac ttatgggtgg 1140  
 cttcaaaaac ctgtccctt cgttcagccg ccccgccagc acgattgcaa ggcccaacat 1200  
 ggccctcggc aagaaggcgg ctgacagcct gcagcagaat ctgcagcggg actacgaccg 1260  
 ggccatgagc tggaaagtaca gccggggagc cggcctcggc ttctccaccg ccccaacaal 1320  
 gatcttttac attgacagga acgcttccaa gtcagtcaag ctggaagatt aaactctaga 1380  
 20 gttttgtccc cccaaaactg ccacaattgc tttgattatt ccatttatgc tggagattac 1440  
 aaattttttt tgtgaaaaaa tcagatcttg gtgaggacct cgagcagtaa gatataaata 1500  
 actcccataa gcttagcggt ccagtaattg aacactaggc ataaatgggt tattcagttg 1560  
 tgcaaatgaa agccatctga cagttggctc acattgaaca cctgtggaga ttaaggacga 1620  
 ggacaactat attgatgggc ttggatgaac tgggagcagg cagctcatat ttggggagcc 1680  
 aggagaacga gtgagtgtca aaacctctg tttctgtgt taaacattcc gtccctgttt 1740  
 gagacatcag tatgtacagt taacttttgt tgagtgttta gcaggacta gggacatact 1800  
 agtgttttcc ttaatgtatt taatcttcat aattatgaaa tgggtgctat tattagcccc 1860  
 atcttataga tgaggcaact gaggttcagg gataaagtaa taaaattgcc tggggtcacc 1920  
 30 cagccactaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1948

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 483 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

55

aatttatggg gtctatcttt gaccacgtga taccacttac ctgattctat gtactgatta 60  
 atgtatctaa cagttttata gtgaaagtac ttttaaaaa agtatttgaa tggtcatttc 120  
 tatttttccc cttttgctgt acaagttaat ttttactcat cttttgctgt acaaatatac 180

tttcatcaat acaaa ga ggctagtttt aagtcaattt attt atg agcccaggaa240  
 caatttaaatt ctataa gta atgtattaaa atagtacact ttaa tta ttttccttct300  
 ttttttctct ttaaatttta agaccatcat aataaattat cattacaaag tcaaacatac360  
 tatatactac tatcagtcaa tggggaaaaa ataagtccat atgttttatg ggtaaaatgc420  
 5 tgtaatatagat tgggattgtc caatttgccct tgaaaaaaat cacagcagtt tttagggtttc480  
 cct 483

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 437 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

35

cccgcttgag gcgtaggggg tggcgctctc cgctcggggg cgctcccatg gcgcacatta 60  
 ccattaacca gtacctgcag caggtgtacg aagccatcga cagcagagat ggagcatctt120  
 gtgcagagtt ggtgtctttt aaacatcctc atgttgcaaa cccacgactt caaatggcct180  
 ctccagagga gaaagtgtcaa caagtcttgg aacccccctta tgatgaaatg tttgcagctc240  
 atttaagggtg cacttatgca gtggggaatc atgacttcat agaggcatac aagtgccaga300  
 ccgtgatagt ccaatcattc ttgcgagcat tccaggccca caaagaagaa aactgggctc360  
 tgctgtcatg tatgcagtag cgcttgacct ttcgagtgtt tgccaataat gcagttcaac420  
 cagttggtta aggaagg 437

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

45

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 359 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

10

cagatctagg ggcttcagct gtgtgcagac cccatgccac ttcaggggaag tgacacaggc 60  
 ctgtgtcatc tcgcttttggc agcaggtggg tggccttctt caggggagga ggtggcctga120  
 gatgtgtttc aggtcttttga cccatcactc cctacacaca cgacgtgaac accactcctg180  
 gagcattctc agaatggaga tttgaattcc atgtggcagc ttctcacaca caaacctgcc240  
 atcattcccc acacacccac tcacgacatt caacagccat gagccaaaag aagttccttg300  
 tttcagattt gaaggtttta tgaatccact tcttcggat gtagctcttt aatgatttt 359

15

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

20

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 501 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

45

tggcggtcac atcctgagtc ggcctctctc cgaggcggag cggacatgca ggctccccgc 60  
 ggcaccctag tcttcgccct ggtgatcgcg ctctgtcccg tcggccggga accttctagc120  
 caaggatctc agagtgtctt acagacatat gagctgggaa gtgaaaacgt gaaagtcctt180  
 atttttgagg aagatacacc ctctgttatg gaaattgaaa tggagagct tgataaatgg240  
 atgaacagca tgaatagaaa tgccgacttt gaatgtttac ctaccttgaa ggaagagaag300  
 gaatcaaatc acaacccaag tgacagtga tctaaacct gaatggcgct catgttttcc360  
 aagagaagca gccctgagg gactctgctg aggtgcca cagaggatga agaggataca420  
 aatttaatta atttcaaatc aacatagaca caagaacct ttgctgtttc ttccaacgcc480  
 cactcttctt aatgatggca t 501

50

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

55

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 102 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

cgggatctcc cgaaggaatt tacggggatt cctcggacca ttatcctcag gcaagaaaca 60  
 aaaccaaact tggactctcg tgcagaaaat gtagccatt accacatgta gccttgaga 120  
 cccaggcaag gacaagtaca cgtgtactca cagagggaga gaaagatgtg tacaaaggat 180  
 25 atgtataaat attctattta gtcactctga tatgaggagc cagtgttgca tgatgaaaag 240  
 atggtatgat tctacatatg taccatttgt cttgctgttt ttgtactttc ttttcaggtc 300  
 atttacaatt gggagatttc agaaacattc ctttcaccat catttagaaa tggtttgctt 360  
 taatggagac aatagcagat cctgtagtat ttccagttaga catggccttt taatctaagg 420  
 gcttaagact gattagtctt agcatttact gtagttggag gatggagatg ctatgatgga 480  
 30 agcataccca ggggtggcctt tagcacagta tcagtaacct ttatttctct gccgctttta 540  
 aaaaataccc attggctatg ccacttgaaa acaatttgag aagttttttt gaagtttttc 600  
 tcactaaaaat atggggcaat tgtagcctt acatgtttgt tagacttact ttaagtttgc 660  
 acccttgaaa tgtgtcatat caatttctgg attcataata gcaagattag caaaggataa 720  
 atgccgaagt cacttcattc tggacacagt tggatcaata ctgattaagt agaaaatcca 780  
 35 agctttgctt gagaactttt gtaacgtgga gagtaaaaag tatcggtttt attctttgct 840  
 gatgtccttt ctgcttgaaa taacagtcac catacagcta aaggagagga gtttctttcc 900  
 ttctaagtag gcagaaatgg tatcattatg ttgccgctct ccaatctccc agagctcgct 960  
 ctctagagaa tcaccttctt tcgcgttttt tttttttttt gagggtagga gtctcactat 1020  
 gttgcccaca gactaggcct gggaactgtt ggggggccaa ggggattgct cccgtcccgc 1080  
 aggcctcccg agtaggccgg ga 1102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 306 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

10

15

```

gaccaacctt ccttgccatt tatacggcat aaaaccctca atctcaccag tatggctacc 60
aaaattatag gttcacctga aacaaagtgg attgatgcaa cttctggaat ttacaactca120
gaaaaatctt caaatctatc tgtaacaact gatttctccg aaagccttca gagttctaatt180
attgaatcca aagaaatcaa tgggaattcat gatgaaagca atgcttttga atcaaaagca240
tcttgaatcc attttttttg aaaaacctta aaaagggcga tcacaatttt tttgaacaag300
ggtcat   306
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:105

45

50

55

```

tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
ctttgggggt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
agacaggaca tgttcttgag ccactgtatg tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccaccacag aggggggtgt 240
gaagccttga gaacctcaag aaagggctgg attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccttg ccaccacgc acttgcctgag 360
gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcacccaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
ggtagggtgt tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aaggtgggtt 660
acctagcttg tgtatattag acattgccac ctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttgta tctgttacta tcccaagcct 780
ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
  
```

```

ccatccctgt ggag agcagcagc agcatcttca tctgagtaga cggd. . . . . taaatagatt 900
catgctcatt taggaagctg ggagtttctg gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag1020
agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttagggtt ttgtgaggat1080
5 tcaagtgttta gcacagtgtc tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat1140
tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttctgtg tgattcaaaal200
ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt1260
agagtagccc agttctcggc ctaccctgtc ggttgggac ttactgtatt cttgaatgca1320
ctgggttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga1380
10 actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttaccccacl440
tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaattal500
aaatgggttc tctggcagac tgcacccctt gagtcaaaat taacagtatt ctttgaatg1560
caataataga ggcttttctg cgttaagggg gaaggaatga ccaattgaac ttacacattcl620
cccaggcagg tccctttgcc ggcccttaca ggctggggtg gccctcctg tctcagggal680
15 tcagactccc agactgttta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggtt attccttggc1740
cgctcctgag agaaaaccaa cccacccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg1800
gcctctcaga acagctccta gaggtgtctc atgactgaat gttttccaa atcacctaaal860
tatcggtttg ctttttgttt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattcl920
aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca1980
20 ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga2040
ag 2042

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 320 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```

aatcttttta ccatgaaatt tttccagaa ttttccccct ttgacacaaa ttocatgcat 60
gtttcaacct tcgagactca gccaaatgtc atttctgtaa aatcttccct gagtcttcca120
10 agcagtaatt tgccttctcc tagagtttac ctgccatttt gtgcacattt gaggtaacagt180
agcatgttat ttacaattg tgactctcct gggagtctgg gaggcatata aagtgggtcaa240
tagtgtttgc tgccttgaga gttgaatgac attttctctc tgttttggtt ttactgtaga300
tttcgatcat tctttggtta 320

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 500 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

25

30

```

gtcgaacagc aaagccaaga cttgttaaaa aggtttgaag aggaaggacc ataacaattg 60
aaagggggaa attataagat acagtaaatt cctcttcaaa gatttagcct gttgacttcc120
ttattctttg ttctcaaact cgacttcctt gttgtccatg cctccttgtc cctagttact180
gtgaacaacc ttcccaccag ttctaataaa taactcacat ctgctccctt ggttaccac240
tctgcaccca ttcttccac tgaaactgca ctccccacca ctgtaactca catccccctt300
cccttcctta tttggaaaag tattcacaaa tagccaatcg ggtcaactta gaatgagcgg360
tccaacccca gcccttgggg gagtgcaca gaggtaggga ctgtgttagg gataaaaacc420
ttttcctttt tttgttcagt gtgctgctgt gatcatgatt gatgcaggca gcagcctttt480
tgcagaagta aattgccttg ctgagg                                     506
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

- (A) LÄNGE: 1276 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:108

```

5  gcgcggccgg  cgccctgcggg  gcgagagggt  cggggcgaa  ggggaagctac  gtcccggagg  60
   tgcggtgtgg  ggcaccgggc  ggggcccgcg  gaaccgggc  cccacggagc  tgctgctgtc  120
   agaccaaccc  cgggccccca  tcatcactgc  gccgcgcttt  caggcgccga  gaactaccgt  180
   tcccggcatg  ccatgaaatt  jgcctcggcg  ctgaggcggg  gtccggccct  ccaccgctc  240
   ccgcgcgcgc  cgaatcgcg  tgcgagacca  tggaggagga  ggcatcgctc  ccggggctgg  300
   gctgcagcaa  gccgcacctg  gagaagctga  ccttgggcat  caccgcgcat  ctagaatctt  360
   ccccagggtg  gactgagggt  accatcatag  aaaagcctcc  tgctgaacgt  catatgattt  420
   ctccctggga  acaaaagaat  aactgtgtga  tgccctgaaga  tgtgaagaac  ttttacctga  480
10  tgaccaatgg  cttccacatg  acatggagtg  tgaagctgga  tgagcacatc  attccactgg  540
   gaagcatggc  aattaacagc  atctcaaaac  tgactcagct  caccagctct  tccatgtatt  600
   cacttcctaa  tgcacccact  ctggcagacc  tggaggacga  tacacatgaa  gccagtgatg  660
   atcagccaga  gaagcctcac  tttgactctc  gcagtgtgat  atttgagctg  gattcatgca  720
   atggcagtg  gaaagtgtgc  cttgtctaca  aaagtgggaa  accagcatta  gcagaagaca  780
15  ctgagatctg  gttcctggac  agagcgttat  actggcattt  tctcacagac  acctttactg  840
   cctattaccg  cctgctcctc  accacactgg  gcctgcccc  gtggcaatat  gccttcacca  900
   gctatggcat  tagccacag  gccaaagcaat  gggttcagcat  gtataaacct  atcacctaca  960
   acacaaacct  gctcacagaa  gagaccgact  cctttgtgaa  taagctagat  cccagcaaag  1020
   tgtttaagag  caagaacaag  atcgtaatcc  caaaaaagaa  agggcctgtg  cagcctgcag  1080
20  gtggccagaa  agggccctca  ggaccctccg  gtccctccac  ttcctccact  tctaaatcct  1140
   cctctggctc  tggggaaacc  ccaccgggga  agttgaggca  cccttccttc  caatttgctt  1200
   aaccagtttc  caggagtggg  gtgggttttt  ccgtggcaca  ggttggggcc  ttaggggggg  1260
   ttggacgttc  catctt  1276

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 373 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

50  aaatacatctt  atgtttcttg  aaatgtgtta  agtggccttt  gccaagggtg  ttataataga  60
   agagtatata  aaaatgaatt  tctctagaga  tgcagcatac  tctaaagatc  catcattaga  120
   taattaaaaa  tatgtaagtc  atgctaacat  ttccatatac  aaatggagaa  cattaactct  180
   cctactgttt  agttataaaa  taccaaaattt  tgtaattatc  ctatctggaa  ttacactata  240
   ctgcaaaaat  gccagttact  tcacttttaa  atttgacaat  gtatgtgatg  aattataaaa  300
55  ttttaatagcc  tacatctttt  cctccttgta  tccaaatttc  tccggacctt  aatgcttaaa  360
   ccttttggtt  acc  373

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 492 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tgggtcaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60  
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtggc cagaatcata agccctgacc120  
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180  
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240  
ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300  
aatccattct gattgggttg agtctatgct ataccagttg ttaaacattt tgagtatcac360  
tcttgcatat tgttactatt atatttcttc tatatataga cagaaaggcc attttaggaa420  
tatttaaagg gctcttgaaa attttctggc attagaccga actgaagggt ctattaaggc480  
agggttccta aa 492

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1678 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HE: JNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

5  
10  
15  
20  
25  
30  
35

```
gcctcagcag actccttggg cggtagcagg gagatggtgc aacggcccca gcctgcacag 60
gaaccgagca ggcttgatc tgccaacat agacacggga tatgattccc agccccagga 120
tgtcctgggc atcaggcagc tggaaaggcc cctgcccctc acctccgtgt gttaccccc 180
ggacctcccc agacctctca ggtccaggga gttccctcag tttgaacctc agaggatatcc 240
agcatgtgca cagatgctgc ctcccaatct tccccacat gctccatgga actatcatta 300
ccattgtcct ggaagtccc atcaccaggt gccatatggc catgactacc ctgagcagc 360
ctaccagcaa gtgatccagc cggctctgcc tgggcagccc ctgcctggag ccagtgtgag 420
aggcctgcac cctgtgcaga aggttatcct gaattatccc agccctggg accaagaaga 480
gaggcccgca cagagagact gctcctttcc ggggcttcca aggcaccagg accagccaca 540
tcaccagcca cctaatagag ctggtgctcc tggggagtcc ttggagtgcc ctgcagagct 600
gagaccacag gttccccagc ctccgtcccc agctgctgtg cctagacccc ctgcaaccc 660
tccagccaga ggaactctaa aaacaagcaa tttgccagaa gaattgcgga aagtctttat 720
cacttattcg atggacacag ctatggaggt ggtgaaattc gtgaactttt tgttggttaa 780
tggtctccaa actgcaattg acatatttga ggatagaatc cgaggcattg atatcattaa 840
atggatggag cgctacctta gggataagac cgtgatgata atcgtagcaa tcagcccaa 900
atacaaacag gacgtggaag gcgctgaatc gcagctggac gaggatgagc atggcttaca 960
tactaagtac attcatcgaa tgatgcagat tgagtgcata aaacaaggaa gcatgaattt 1020
cagattcatc cctgtgctct tcccaaatgc taagaaggag catgtgcccc cctggcttca 1080
gaacactcat gtctacagct ggcccaagaa taaaaaaaac atcctgctgc ggctgctgag 1140
agaggaagag tatgtggctc ctccacgggg gcctctgccc acccttcagg tggttccctt 1200
gtgacaccgt tcatccccag atcaactgag ccaggccatg tttggggcct tgttctgaca 1260
gcattctggc tgaggctggg cggtagcact cctggctggg tttttctgt tctccccga 1320
gaaagccctc ggccccagc aaacctgttg tgcagagctc tccccggag acctccacac 1380
accctggctt tgaagtggag cctgtgactg ctctgcattc totgctttta aaaaaaccat 1440
tgcaggtgcc agtgtcccat atgttctcc tgacagtttg atgtgtccat tctgggcctc 1500
tcagtgttta gcaagtagat aatgtaagg atgtggcagc aaatggaaat gactacaaac 1560
actctcctat caatcacttc aggtacttt tatgagttag ccagatgctt gtgtatcctc 1620
agaccaaact gattcatgta caaataataa aatgtttact cttttgtaaa aaaaaaaa 1678
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:112

5 gtcgccatga ctgccaaagga ctgctccatc atgattgcac tgtctccctg tctgcaggat 60  
 gccagctctg atcaaaggcc tgtggtccct tcatcgaggc ccagggttgc cttttccgtg 120  
 tctgtgctgg accttgacct caagccctac gagagcattc cccatcagta taaactggac 180  
 ggcaagatcg tcaactatta ttcaaagact gtacgtgcca aagacaacgc cgtgatgtcg 240  
 actcggttca aggaaagcga agattgcaca ttagtctctc acaaggctca actctttccc 300  
 tgcagtgtct ttgaaacttg aacataatgt gaaggctgaa tgatagagat atttctgttt 360  
 gtgttggttg acctttggtt gtgaatgttt ttgcttttaa ccccttttga ggtgggattg 420  
 10 cctcttgagg acatggaatt gaagagcact agaaacaact tcctggacaa ggaatgtagg 480  
 aagtgagtgc tgtgtcccag gaagctgctc acactcttaa aatggaagtg tccgttaagc 540  
 cctgggaaga cgttctggat agttcttctt tcccaaccag ggctcatgtc tgattctcta 600  
 atgcgaaaag ccttattcta agaccaagg tttggatctg ctaccaccag actcctaaca 660  
 tagaaaactt gaattgtcac atacatttta cagtttgagc ttttaagaaa acatggatac 720  
 15 tactgggaac ttccccagc tgagttacat gggcactttt tcagtgcagg ccacatatca 780  
 acacaggggt ttaagggtgg tgcttggtg cacacgtgaa ccccggtggc cccagatgc 840  
 cgattctgag ccagtgtaga cccagg 866

## 20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

45 gcgcggcgcg cgctgcggg gcgagagggt cggggcggaag gggaagctac gtcccggagg 60  
 tgcggtgtgg ggcaccgggc ggggcgcggc gaaccgggcg cccacggagc tgctgctgtc 120  
 agaccaaccc cgggccccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180  
 tcccggcatg ccatgaaatt ggctcgggc ctgaggcggg gtccggccct ccaccgcgtc 240  
 ccgcgcgcgc cgaatcgcg tgcgagcca tggaggagga ggcacgtcc ccggggcttg 300  
 gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga ccctgggcat cagcgcacac ctagaatctt 360  
 50 cccaggtgt gactgaggtg accatcatag aaaagcctcc tgcgtgaacgt catatgattt 420  
 cttcctggga acaaaagaat aactgtgtga tgctgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480  
 tgaccaatgg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540  
 gaagcatggc aattaacagc atctcaaac tgactcagct caccagctc tccatgtatt 600  
 cacttcctaa tgcacccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgtg 660  
 55 atcagccaga gaagcctcac tttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720  
 atggcagtgg gaaagtttgc cttgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780  
 ctgagatctg gttcctggac agagcgttat actggcattt tctcacagac acctttactg 840

```

cctattaccg cctgdc .cc acccacctgg gctgccccca gtggd .at gccttcacca 900
gctatggcat tagcccacag gccaaagcaat gggttcagcat gtataaacct atcacctaca 960
acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat cccagcaaag1020
tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag1080
5 gtggccagaa agggccctca ggaccctccg gtcctccac ttctccact tctaaatcct1140
cctctggctc tggaaacccc acccggaagt gagcaccct ccctccaact ccctaccagc1200
tccagagtgg tggtttccat gcacagatgg ccttaggggt gacctccagt tttgcgtgtg1260
gaccgtaggc ccttttctag ttgaatgacc aaaattgtaa ggcttttagt cccaccgaca1320
ttagccaggc tegttagtag gcctccagag caggttgtgc tgtccctgc ctctggaagc1380
10 aatggggaat gtggaatcaa gacaatgccc aaaaaatttt taatgcagct ggctc 1434

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 914 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

ttggcagcgg ggagagggaa agaggaggaa atgggggttg aggaccatgg cttacctttc 60
ctgcctttga cccatcacac cccatttccct cctctttccc tctccccgct gccaaaaaaa120
aaaaaaaaag aaacgtttat catgaatcaa cagggtttca gtccttatca aagagagatg180
tggaaagagc taaagaaacc accctttgtt cccaactcca ctttaccat attttatgca240
acacaaacac tgtccttttg ggtccctttc ttacagatgg acctcttgag aagaattatc300
gtattccacg ttttttagccc tcaggttacc aagataaata tatgtatata taacctttat360
tattgctata tctttgtgga taatacatto aggtggtgct ggggtattta ttataatctg420
aacctaggta tatccttttg tcttcacag tcatgttgag gtgggctccc tggatatgta480
45 aaaagccagg tataatgtaa cttcaccoca gcctttgtac taagctcttg atagtggata540
tactctttta agtttagccc caatataggg taatggaaat ttcctgccct ctgggttccc600
catttttact attaagaaga ccagtgataa tttataaatg ccaccaactc tggcttagtt660
aagtgagagt gtgaactgtg tggcaagaga gcctcacacc tcactagggtg cagagagccc720
aggccttatg ttaaaatcat gcacttgaaa agcaaacctt aatctgcaaa gacagcagca780
50 agcattatac ggtcatcttg aatgatccct ttgaaatttt ttttttggtt ggtttggttt840
aaaatcaagc ctgaggctgg gtggaaacag gtagcctaca caccccaat tgggggtggt900
cccgggggaa tggtc 914

```

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 68 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

```

gaaaatccag ggggtgaagaa tagatctgtg gtggcagggg tgggaaaggc ggggaggatt 60
tgcctactga ggggcagcac aagagaattt tgcggggcga tggatctgtc tgtatcttga120
ccatagtgat gatacatgac tgtgcatttg tcagaactca caggactgaa tgaaaagaga180
agtgaatttt actgcatgtg aattgttaaa ataaatgcta gacagtattt taaaaatcaa240
gccagatcc tgcaagacat tatggctccc caccagaagg ggagagacgg ggaaagagaa300
gtgtcccaa agttaaccca cgttccctgg gaccacctc cctccccact gccacttccc360
accagcctca cgcacgggcc aggccttcc ctttgcagct cacagcccag cagatgttag420
gtcagaatgc gtcccctcac ttgactaaag gtttacagcc agcaggtgg gaaatgaacc480
agatattaac accccctcct ccattgccctg cccaccttct gggccagtac cagtgaaggc540
aggaagccac ttctcccacc cccaggtgtg tcccaaagcc ctggaagaac ccaaggaaa600
gcaggagcca agttgggagt tgacctgat gaccaggggc cagttggccc agtttccctt660
gtttagttgg ggggagggaa ccctt                                     685
  
```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2646 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

5   ttaattttaat agcttttcatg tgattaaaaa tagctaacta gactcaagga ttcacaatat 60
   ttaggtgtat tttcaatacc tccagaaagg aaacctcagt taatcagagg aaatagtttc 120
   agtcttcatt tgagcatgtc tttccatctc aaaaaaatac tcttagtagg ttggagtga 180
   gatagcaagg ttttgaagca tatttgctct aatccacagt gacacttttt atcttccagg 240
   agcactccta ggaggttccg tgcctaatac atgttgactg ctttgcagat ctcaagggaa 300
10  taaaaatgaca aaagcaggga aggttacaga ttcaaacagc attttaactc atgttgatct 360
   ggataattaa tcttttctaa agatgtgtag tttcttgtaa aacagtgata tcacatgatt 420
   aaaattacat ttttatcaac ataattgtct ggaaaagata agccctcaa ttttctacca 480
   gttgactttt attcattaga tacagaagggt gcagtattac acatcaccag ctgcctttgt 540
   gaatggctca ctacacagcc attgggggtac aactgtgtgc atgggcagaa acagcaagt 600
15  ccctcattgt ggtcattggg tggggagtgc cttttgtcaa ggagtctgca ggaattggct 660
   tatttctgta tgccaaagt atcaacacac caaagtctct gccataaaga atgtggcttc 720
   cttgcatcct ccatcctgtt actctgggcc cagtaatttg atgtaactgt ctgattgtac 780
   tagagacagg agtatacca gcttattcat aatcaagtaa agagactcag attagatttg 840
   attttttagc ctctctaga gccaatcagg cagttaagag taataaagg taagggtttg 900
20  gtcacaaacc ctaccattat ctggagatta ctctctgtc cactcctgtc ttgccatgca 960
   cgtcttgccc cctcactttt gctcagccta gcagtctact tcactttatt gccttgaag 1020
   tgtcaggcct cctgggcgct ctggaaaaga caggagacca ggccctctca cccctactgg 1080
   taacaggcca ttgctgggtg cacaagaggg aggtgatttg catcatggct atgctgcatg 1140
   ggcttcactg ggatgctgtt aaacaccaga ggagccaaac tatcagaatc ccagcagca 1200
25  aggaaaactc agattttaga ggctttttac aataaagtag cgttaactctt ggtcatgatt 1260
   gatttcaaat gcctgccatg aatgatttgt aagtaattat gtaggatcca tcaaagcagt 1320
   attgtaggct tttgaattgt cccagtggat cccggacccc atttcaactgt ctctcttgat 1380
   cgtgttaatg atgcaatcag agttcaagac aggccccatg aagtctgact gcactgggat 1440
   ggagaaatga atttcttccc actgaaggaa actctttctc attcgcagcc aagacgggag 1500
30  tgccactgtt cctctcttca ctcttgagat actgcttctg gaagcgggtg tcacttctct 1560
   tctagtacct cttctcttct ctgaagtgtg tgactatctc ctagtgttta aatttggcag 1620
   ttactcgcca tgtatgtcag catagaaaag gaaatgtttt taccttatct cctgtatgta 1680
   tgatagaact taaaagaaat gtgcatttgt tttcatagcc ccagcagaga aaatcctctt 1740
   catagattaa atgtgctgct gtggacagga gggaaaaaaa aacctctac atattgaaag 1800
35  gcaccaaag taatatctga cactgttaag atgccccaaa gagcaaagt gtagtggaga 1860
   tgcagggtca tttcccatg ccattccacag tgtttgttag tgagtccacg gctgacttgc 1920
   agtgataaag aaaagcatgg agctgtgtct gcagacaatg gtggctgcat ctgtaagtgg 1980
   cttcagaggc agcagccctg gggaaattga tgggtgtggc agtggacctg tgaagaggga 2040
   gaatctagcc ttcagcctgt ccagtgttaa ccactagaga aactgagctt tatatcctt 2100
40  tttaatgcct gtgaatttta gcatattgaa acattagagc aaatactcag gggatttttc 2160
   attaaacatc cctcagataa tttagctata tatcattaga aagggaagc tatcattttt 2220
   attttaaaac taaacaaggc catcttataa actgtcacca aagtcttccc tttttatttg 2280
   catgtgtgcc ttgaatttca taaaacatta attcacaatg ggggtcagaa tgtactcttg 2340
   ttgaaacact tcttgtacca ttttatgttc atattatgtt tgagagggtg aaaatgtatg 2400
45  agcagcttaa ctgaagtaga actattcatg atgcttttca cacattgtgg cataagatgt 2460
   aaagtttgta attaatgtta atttctgtgc attttaatat tcttttataa ttattaatgt 2520
   taatttctgt gcattttaat attcttttat aattatgagc attttaataa attcattttt 2580
   acaacaata aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggaagggaag aggaagaagg aggggggaag 2640
   aggaag

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 2667 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte pa...e cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

15

```

ttatcttggga agtctgtgta tcaaaatgaa gaattcagat ggtaggaggt tctatagtc 60
ttttaaaagct gactcttgag tgctcagttga atatccatta aattggattt ggaaataacc 120
tgaggaaaagt attatgaatt cgatctgcac agatgcctct tagctgatag gtggcaggcc 180
tgtgggttttg ggttctccct cttttctctg gaacatatga caattccaga ttaaagaaaa 240
atgtttttta ataaataccc ttgggtcttc ttctagtcac ctttgaggta gatattgtga 300
ttttctggag tatagtatat ccgtgtctct gtgtcttagg ttactagat gcaataatac 360
ttctctttga catttgtact gaagtgaatt gatattaagt aaaacagtta atgtttgaat 420
ataggcatat ttataggttt ttcccgctcc cccccaacc acccttttta aaaaatctat 480
acaaagccct tgtttgagtc tcatcatgca catcaaatac tggagttagg tcttctctga 540
gctcagggga acacaagtgc acagagagag atgtcttgag ggtcactacc aaagaattac 600
cctcattgtc cctcactcag gccatgtgta catgcatgac tgctgagtgt gctggggtgg 660
gtgggtggcca cgtggctccc ccagagcact tccaaactgg caagctggga gaccattac 720
tgggtgaactt tgtggaaatt agaactgtat cttttacata atcttggcat attacatttc 780
ataataaaaa catacattta gttgcatgct acatcactat tgattttata attaatctct 840
30 taagcttcaa ccatgtttta taccttattt cgttacatca tatatttgta atgtgtaata 900
tgaaatcttt tgctttaatg tcttttttta aaatgtagaa tgttctaaac ttgaaaggca 960
attgaatgta gtatgatgaa aatgtgaatg ttttgcctgt tccatgacca aagatacagg 1020
gctagtggac atttagaata ataattaaag ctagagtctt gtatgtcttt tctttgaagg 1080
agttctaaccc ttgtaaattg agaatgactt cagagaattt tgattaagaa aacattaaaa 1140
35 tcttaaccgg cacaacact ccaatttttt tccactgtgaa gccgcaagca attttttttc 1200
tttttctttc aaaagcctgc cttctgaatt tatttcttgt ttactcattt cagagagggg 1260
agtaaagaag atctatttct ggtagtcata tcgcttgaaa ggtattggta aatgtgtttt 1320
cagtcgtgac catgtggaaa gtgaacagtg ttggcaaaac ttaccgagaa aatcatgctt 1380
ttcaagatgc ccttgctttg ggatattcct ctagggaga aaaaaaaaaa gtagttaaac 1440
aattgtgaat tccatttctt atttcagttt ctgctgcagt aatgggttcc caccactat 1500
aattccagc atttatgttc tgttgtattc tccccttagc ccagtaacat ttttatctaa 1560
taccctattc cccaagtttt gagacagatt gaccocctac tcattatgtg gctctagttg 1620
aattttaaaa tgtggaatat tgggcttgca ggcagtagga gctgcaaate tggtagagtg 1680
ggagtgtgga gttaatgggt agtatgttaa taaagggaaa ctgtctctga cagaatctca 1740
45 gtaatgttta ccaaaacatg tctttctaca gctggttaga taaatgatgc taccctgtag 1800
ctcagctaca ggctgcagtg caaacttttc ttccatccag agaaagcaga attccctcct 1860
agtaacctca ttacaaatac tgttactaga agggcatgtg ctgtctgtca ccttcagtaa 1920
tatttgtgcc atctcttgat gactgatgac ctggatcgag tatttctatg aagggtcttc 1980
ttaggccccct tacatacgca agaggggtgc tctagtgcca tagctgtagt tcacaggaag 2040
50 gacaccagga gaagtatac ctagggtctac tgagcagctc atcatccctg tttctgcaca 2100
gtttctctgaa actggccatc agggcctctg aggcactcaa atcagtttac ttttagcatg 2160
cccccatcag ggtgggtctc actgttagtg aggatacggg tctgggttga tgtttttcta 2220
ggcaaaatgc ttaagtgttc tggttatgcc attcattcat agcatgtgtg aaatttgctt 2280
aaaagggaat ttcatgatt tgatttagat tagtatttaa atatctgctt tagatagcaa 2340
55 ttaattttat tgtaaaaaa aggaaaaata tgtgaatatg tgaatttttt aagcctgaga 2400
gatgatagaa tgttcccata tttttcttgt aaagaaaaata atattttaac ttacacatcc 2460
tgtagaaaaat accacctttt ccccttgat tacagtacaa tgtttacatt actatactgt 2520
caagctgaaa gtataaaaaa tgtacatata cattttgagt tatgtatcct ttttttaaaa 2580
aaaggtgcgg ggctgtggca ctgggctgga catgactaaa gttgacagag gctatgctag 2640
60 attcataatc actagttctg ggacttg

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 544 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

catctgtgca tggatgagtg gccgactttg gagcccaggc tggtacttcc tggctctggtg 60  
 gtgaatcctc catagtctga gagtaagatc cttgatactg gctcagcatg gaacatctgg120  
 cacacagtat gcactgagga aatacttggtt ggaataatca gtgaatcata gatgaaaact180  
 30 taacctttgga attaattatg agactgctca gaggaagaga atgggagaca aaggacctgg240  
 tgattagacc cccaagacac tgggctgtct gcttgtgtct cgggtggaac aggccagcg300  
 agagtcctta gggccagaac tcaaggaatt tattgagcca tggcaaacag gcagtaaaca360  
 gcccattctg gctgctgtat tgagaagaga atgtggtgga cagatataga agcatggaaa420  
 cctgataggg ctattgcaat cactcagaaa agaggcgatg gcagcttgga cctgttgaag480  
 35 cagtagagtg ctttccaggg aggagaaagg acctgaaggt taatttgatc accatggggcc540  
 atga 544

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1340 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```

10 gtttgatact ttccctgcact taggtttgtc ctattcttca tttattcaga ctaggataga 60
   aaatttttga atcagaaaat agatccagtg tttagctaca tacaatctag tacaagtga 120
   tttttattct taaacatagg tgtgttggtc ctttttttaa aagatgcgct ctacctgaa 180
   aggaaattgg attttagaac tggatgtggt gcagtgaagt attttaggcc caggctctgtg 240
   tacacatttt atagaagaaa tgaagtactc tgaagtattt tgggtgcctt ttcatttcaa 300
   ctgtgttttg aatttgtcag atcacacata tattgtgtta ttgggcgctg tggatatctt 360
15 tataaaacct cttgcttgtg tgcaaaagtt cctaaaagga aacacaagta atgcctatcc 420
   attactagca tgctatgctg catgctttac tgccattgct gtatgcttta ctgtctttgt 480
   aaaaatcccc ctctccccct ttctggtaac tggaaaagca tgctaaaaat agtcttata 540
   tttcacccca taagtgcaga atcagtaatt ccttggctta aagctcttat ataataata 600
   ttattggtgg taaataccaa gtttgggtat tcatagctat ctttttttaa agaaattaag 660
20 ttcttgaaaa tttagccaaa tcccgtttta tgggaatgct ctttagaatt cattttgttc 720
   agcccccttg ttctatggtt gagaaatctg aggccttacg aagggttaaga gaactttccc 780
   cgtgtctcac aggtaggtag aggcagagct ggaactagat atctggtctg ttgactctag 840
   ctcaagtgtc tctggttaact gttgaaaatt gtcttagttt gagagatggc tgaaataatg 900
   aacataaaat gctatttata ataacaagta tatgtgaaat ttcttattgt aagactacta 960
25 ccggcttact gttgaatagt ttggttatag tgtttaggct agaaatgcct cccacattgg 1020
   taataaacat taaaaaatac aatgtatttt taggtaggca ttttataaaa tgcattatgc 1080
   catggttgct tttgagatag attgtagtct gggtagcatc tttaaaatgt atgtgggctt 1140
   aactgttgtt catatcagga gatgctctga ttgtataggt gagactctgt ttctgttatt 1200
   ttaattgct gtatgaaatg tgatcagatt attttactac caacagttat agtttgaaag 1260
30 tccaactgta ttaattgact gataatatga taatatagag attaaattgt ttgtcttcat 1320
   tccttaaaaa aaaaaaaaaa
                                     1340

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

5  ggatatgaat aaattgttaa tataaagtc tacagaaatt aatttatgaa atttctctaa 60
   atcacacaaa acttaaatatc agatgactac taccctgaga ctgaaaaata tgttctaatt 120
   tatagtgtta tttttgggca gttttgggtg cagaatacct atcaacacat tcttttttta 180
   ttaggaaaaa aaggatgtct acataacaat ttgtaaaagt ataaaaatcca ttagttttta 240
   agtcttctga tagcattggc tattataaga aacaagtatt tgctctcggt tttaacggga 300
   taataatgct atgtctacat aaaatgattt ctaccacctt aaatagctca ctgtagaaat 360
   tcatgtataa atggaaccat atagtacata catatcatac tcttaggtct ggcaaatatt 420
   tgaggttcat ccatatttta tattcactca tcagtatttg taaacacatt cttaaaagtag 480
10  cattttcaga tatgaataag cagggatgaa ataagtatta gggtaaggga aatgggtgag 540
   gctttcctaa gtgaagtgtt aaaaccacag ctttcttttt aatgggatgt ctaatatgca 600
   tttatctgtt caagcatttt aagatttcca tgaaaatgtc ctgaaaaatc aagattcttc 660
   attgagggtg aggatctccc aatgggagac tgctctgaaa agagcatgtg ctttttgaat 720
   tagataacct actataatca tggatgttct tgaatactta gcaaacatac cagcatccca 780
15  aagtcaccaa gataaacctt cctactccaa catcacatga tcttctaatt ctacctgtaa 840
   aaataagcat aacaattaat tagaatataa ttacgttata tacattactc cacctagaaa 900
   aaaaaatagt tcattatgta gagaaatgct ttttttagta catagagaaa taaaaaatc 960
   agatactcac tagtgaacaa aaaatgtcca aagccagcca caacagatcc taatgaacca 1020
   tacaatattg aatgccgggc gcaggagta ttttcaacat ctgaaaaatc taggagctta 1080
20  agggactaga atgaaaaaaa agaacctaga ttgaagtaaga aagtatttca ttttggggtg 1140
   ctttgccaaa aatgacaata caccatttct tttctttagt ttgagggttt aaactagagt 1200
   atgtgccacg tgacaacctt aatcagcttg cgttgtcttt gtccaccttt ggtatgcagt 1260
   ctgaatcttt aaatccgaaa accttacaata ttggaccgga aaacctttaa gcagtagggt 1320
   aacttgagagc tgtatcttaa tttgctaata aactgacttg gaaataggat aattcatttt 1380
   atgagctctt taaatgagtt tatttgaggaa tatgcctatc atttgaattg aaagcagcat 1440
   agcttgcttc agtaacctca ataatttggg aagcagaaat ggaaaaagta atttgagtca 1500
   tgtttgctta tgtagtgcgc tttaaaattc cctagttaat tacctttcat attttattaal 1560
   ctagggttaac atcaactgtg gttgtaagag taaatgtttc accttaagat aaacatgggc 1620
   aatatattaa actctagtct gtttctttgc ctgtgaagtg aggctgcact tgattatatt 1680
30  tgattctttg ttcgtaatac atgggaacga cagctaagtg tggtgaaaaa cgcggggatc 1740
   caaagagctg gatttttata tcatagctgc cgttaacttt tgtatcctat aggctacttt 1800
   tattttctatg gtctcaatct ataacatgaa tgggttgggt taaatgactg aagttccttc 1860
   aagtgtctaaa attctttttc tacagtcttc atttgattta tgtatttctt attcctaata 1920
   tgtttaactg ggatgtctgt cactctaggg cggcaagaca gacattttaa agtaacagtc 1980
35  acactgctga actggcattt ctgttaacac aaaagttag aaaactcac gtaactgtta 2040
   ettgatttaa gtgtatataa aattttcagt aaggctgctt ttaaaaaggaa ccactgtcca 2100
   tttaaagggt tcatagttat ctccaatggg ttagtattgt ttggggcagg acattaaact 2160
   agaagggtt ctataggatg aggtgatacc tagaaggtaa tatattgtaa ggcaaaagag 2220
   attagaagaa atggggggaa aggatagtaa aaggcaagtc agattaaagg gttgaaacat 2280
40  gaagatatcc ccattgtatt ccggccccat gtttgccctt tttggctcca gcacgtgtt 2340
   tggaaagggc caatgtgccc tgggtcccta ataaag 2376

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 225 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISM: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:121

10 cagttgtgaa gttttgtaaa atggtcaccc aacttaaaac taggaaatta cgaagaagag 60  
aaaattgccc ggtatctgtt aagggtctgcc tgtagatctg ctgtagggct tgccaccatt120  
ggaagcaagg tctacttca gtggcagatc ttgtggcctt tgagtggctg aagaccacca180  
ccctgcacag ggctggggcc atgcacagga atccttcctt acctt 225

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1967 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

40 acggggcggcg cccgcgctcg caggccactc tctgctgtcg cccgtcccgc gcgctcctcc 60  
gaccgcgtcc gctccgctcc gctcggcccc gcgcgcgcgc toaacatgat ccgctgcggc 120  
ctggcctgcg agcgcgtgcc ctggatcctg cccctgctcc tactcagcgc catcgccctc 180  
gacatcatcg cgcgtggccgg ccgcggctgg ttgcagtcta gcgaccacgg ccagacgtcc 240  
tcgctgtggt ggaaatgctc ccaagagggc ggcggcagcg ggctcctacga ggagggctgt 300  
cagagcctca tggagtacgc gtggggtaga gcagcggtcg ccatgctctt ctgtggcttc 360  
45 atcatcctgg tgatctgttt cctcctctcc ttcttcgccc tctgtggacc ccagatgctt 420  
gtcttcctga gaggattgg aggtctcctt gccttggtcg ctgtgttcca gatcatctcc 480  
ctggtaattt acccgcgtga gtacaccag accttcaccc ttcatgccaa ccgtgctgtc 540  
acttacatct ataactgggc ctacggcttt gggtaggcag ccacgattat cctgatcggc 600  
tgtgccttct tcttctgctg cctccccaac tacgaagatg atcttctggg caatgccaa 660  
50 cccaggtaact tctacacatc tgcctaactt gggaatgaat gtggggagaaa atcgtgctgt 720  
ctgagatgga ctccagaaga agaaactgtt tctccaggcg actttgaacc cattttttgg 780  
cagtgttcat attattaaac tagtcaaaaa tgctaaaata atttgggaga aaatattttt 840  
taagtagtgt tatagtttca tgtttatctt ttattatgtt ttgtgaagtt gtgtcttttc 900  
actaattacc tatactatgc caatatttcc ttatatctat ccataacatt tatactacat 960  
55 ttgtaagaga atatgcacgt gaaacttaac actttataag gtaaaaatga ggttccaag1020  
atttaataat ctgatcaagt tcttgttatt tccaaaataga atggactcgg tctgttaagg1080

```

gctaaggaga agagrat aagggttaaaa gttgttaatg accatatt ctaaaagaaa1140
tgcaaaaaaa aagtlctt tcaagccttc gaactattta aggaabaa aatcatttcc1200
taaatgcata tcatttgtga gaatttctca ttaatatcct gaatcattca ttttagctaa1260
ggcttcatgt tgactcgata tgtcatctag gaaagtacta tttcatgggc caaacctgtt1320
5 gccatagttg gtaaggcttt cctttaagtq tgaaatattt agatgaaatt ttctctttta1380
aagttcttta taggggttag gtgtgggaaa atgctatatt aataaatctg tagtgttttg1440
tgtttatatg ttcagaacca gagtagactg gattgaaaga tggactgggt ctaatttatc1500
atgactgata gatctggtta agttgtgtag taaagcatta ggaggggtcat tcttgtcaca1560
aaagtgccac taaaacagcc tcaggagaat aaatgacttg cttttctaaa tctcaggttt1620
10 atctgggctc tatcatatag acaggcttct gatagtttgc aactgtaagc agaaacctac1680
atatagttaa aatcctggtc tttcttggtt aacagatttt aaatgtctga tataaacat1740
gccacaggag aattcgggga tttgagtttc tctgaatagc atatatatga tgcacggat1800
aggtcattat gattttttac catttcgact tacataatga aaaccaattc attttaata1860
tcagattatt attttgtaag ttgtggaaaa agctaattgt agttttcatt atgaagtttt1920
15 cccaataaac caggtattct aaacttgaaa aaaaaaaaaa tcgacgc 1967

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

### 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 612 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

```

cctagctgtc cccctgagat gaagaaagag ctccctgttg acagctgcct gccccgtca 60
ctcgagcttc accctcagaa gatggatccc aagagacagc acattcagct cctgagcagc120
ctgactgagt gctgacgggt ggacccctc agtgccagcg tctggaggca gctgtaccct180
45 aagcacctgt cacagtccag ccttctgtcg gacacttgc tcagctcctg ggagcagatt240
cccaagaagg tacagaagtc ttgtcaagaa accattcagt cctcaagct taccaaccag300
gagctgctga ggaagggtag cagtaacaac caggatgtcg tcacctgtga catggcctgc360
aagggcctgt tgcagcaggt tcagggtcct oggctgccct ggacgcggct cctcctgttg420
ctgctggtct tcgctgtagg cttcctgtgc catgacctcc ggtcacacag ctccctccag480
50 gctcctctta ctggccggtt gcttcgatca tctggcttct tacctgctag ccaacaagcg540
tgttccaagt ttactcctac agtctgcaag gttacagggt ggttggggga gaaatgccgt600
tttgggggtc ca 612

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

55

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

tttcggcaca gcatgaatgg ctgcgagaag gacagctcgt ccacagattc tgctaacgaa 60
aaaccagccc ttatccctcg tgagaaaaag atctcgatac ttgaggaacc ttcaaaggca 120
cttcgtgggg tcacaggccc aaatattgag aaatcagtga aggatttgca acgctgcacc 180
gtttctctaa ctatgatctg cgtcatgatt aaggaagaag tggatagttc cgtgaagaag 240
atcaaagctg cctttgctga attacacaac tgcattcattg acaaagaagt ttcattaatg 300
gcagaaatgg ataaagttaa agaagaagcc atggaaatcc tgactgctcg tcagaagaaa 360
gcagaagaac taaagagact cactgacctt gccagtcaga tggcagagat gcagctggcc 420
gaactcaggg cagaaattaa gcactttgtc agcgagcgta aatatgacga ggagctcggg 480
aaagctgccc gggtttctctg tgacatcgaa cagctgaagg cccaaatcat gctctgcgga 540
gaaattacac atccaaagaa caactattcc tcaagaactc cctgcagctc cctgctgcct 600
ctgctgaatg cgcacgcagc aacctctggg aaacagagta acttttcccg aaaatcatcc 660
actcacaata agccctctga aggcacaagc gcaaacccca aaatgggtgag cagtctcccc 720
agcaccgccc acccctctca ccagaccatg ccggccaaca agcagaatgg atcttctaac 780
caaagacgga gatttaatcc acagtatcat aacaacaggc taaatgggccc tgccaagtgcg 840
cagggcagtg ggaatgaagc cgagccactg ggaaagggca acagccgcca cgaacacaga 900
agacagccgc acaacggctt ccggcccaaa acaaaggcg gtgccaaaaa tcaagaggct 960
tccttgggga tgaagacccc cgaggccccg gccattcttg aaaagccccg gcgaaggcag 1020
gcacgctgca ggacacctcg ggagggccag gggcctttcc ggggttagtt ttcggttagg 1080
gggttttcaca gttgcatttt tttgccccca cggaggatta ggaagttttt ccacagatgg 1140
caggcatttt ttttgagttc cccggttttt gacgttttgg ttg 1183
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 891 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

```

10  cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
    attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcggccg gactccgctc agtttccggt120
    gcggcgaaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggg ttctaggggt gttacgaagc180
    tgcaggagcg agatggagggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag240
    cggcgagggt ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca300
15  aatgggcttc ccaaacactc ctactgggtg gacctctggc ttttcactct tttcgatgtg360
    gtgggtgttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatac aaattaagaa420
    gttgggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac480
    tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttctct ttcattttac actttgttac540
    taattttgcag aactctatta attgggtagg atttcaccca ttcctagcta agttcttaaa600
20  attaaacctt ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg660
    aatataaaag catttgtact taaaggctct gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct720
    tttaatgttt taagagttga tcaggggttt actatggatt gcaagtaata gggatgatta780
    ataaggggaa ggtttttatg gaatttcaaa agtcaattta tttcaaaagc gggggaaagg840
    gttttgagag gagggggggc caaggtgttc ctgggggttg ccgagggagg c 891
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 482 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```

50  tctctaaata gtaccttttc agtcttgccc cagaagttcc ctcaatttca gcagcaccga 60
    gcgggtttata attcattcag ttttccaggc caggcagccc gctatccttg gatggccttt120
    ccacgcaata gcatcatgca cttgaaccac acagcaaaacc ccacctcaaa tagtaatttc180
    ttggacttga atctcccgcc acagcacaac acaggtcttg gagggatccc tgtagcaggg240
    gaagaagagg tgaaggtttc gacctgcca ctgtcaacct cttcccatc attacaacaa300
55  ggacagcagc ctacaagtct ccacactact gtggcctgac aacagaactg agaggagagg360
    attagactct ggggtgcttg catgggcaac tggatttttg catgattcct ttatgatttt420
  
```

gcttttaatg tatacac( gaagagccaa tataaacgtt cctcatg aaaaaaaaaa480  
aa 482

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

5

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 610 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

30

35

40

```
ctcgagccgt gggcagtggc cgcgaatgcg cggagacact gaccttcagc gcctcggtc 60
cagcgccatg gcgccctcca ggaagtctt cgttggggga aactggaaga tgaacgggcg120
gaagcagagt ctgggggagc tcatcggcac tctgaacgcg gccagggtgc cggccgacac180
cgagggtggt tgtgctcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc240
caagattgct gtggctgcgc agaactgcta caaagtgact aatggggctt ttactgggga300
gatcagccct ggcatgatca aagactgcgg agccacgtgg gtgtccttgg ggcactcaga360
gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct420
ggcagaggga ctcgagtaa tcgcctgcat tggggagaag cttagatgaa agggaagctg480
gcatcactga gaaggttggt ttcgagcaga cagagggtca tcgcagataa cgtgaaggac540
tgtggcaagg tcgtcctggc ctatgagcct ttttttgggc catttggtgc ctggcaaggc600
cttcaaacag 610
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2072 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

10 gggtcattgta ggtacaacag caaccaagaa gatcgaatgta tacctgccct ctgcactcga 60  
 gccaggacag actgctgcca atgaccgtgg tgacaatggc cagcgccagg gtgcaggacc 120  
 tgatcgggct catctgctgg cagtatacaa gcgaaggacg ggagccgaag ctcaatgaca 180  
 atgtcagtgc ctactgcctg catattgctg aggatgatgg ggaggtggac accgatttcc 240  
 ccccgctgga ttccaatgag cccattcata agtttggtct cagtactttg gcccctggtt 300  
 15 gaaaagtact catctcctgg tctgacatcc aaagagtcac tctttgttcg aataaatgct 360  
 gctcatggat tctcccttat tcagggtggac aacacaaagg ttaccatgaa ggaaatctta 420  
 ctgaaggcag tgaagcgaag aaaaggatcc cagaaagttt caggccctca gtaccgcctg 480  
 gagaagcaga gcgagcccaa tgctcgccgtt gacctggaca gcactttgga gagccagagc 540  
 gcatgggagt tctgcctggt ccgcgagaac agttcaaggg cagacggggt ttttgaggag 600  
 20 gattcgcaaa ttgacatagc cacagtacag gatatgctta gcagccacca ttacaagtca 660  
 ttcaaagtca gcatgatcca cagactgcga ttcaacaacc acgtacagct aggtatctct 720  
 ggagacaaag tagagataga cctgtttacg aatcagaaag ccagcactaa gttttggatt 780  
 aagcagaaac ccattctcaat cgattccgac ctgctctgtg cctgtgacct tgctgaagag 840  
 aaaagcccca gtcacgcaat atttaaaact acgtatctaa gcaatcacga ctataaacac 900  
 25 ctctactttg aatcggaacg tgctaccgtc aatgaaattg tgctcaagggt taactacatc 960  
 ctggaattgc gagctagcac tgcccggtt gactactttg ctcaaaaaca aagaaaactg 1020  
 aacagacgta cgagcttcag cttccagaag gagaagaaat ccgggcagca gtgacactgg 1080  
 cctccagcct caatctgttc cgtagctcag agcctgcctg ccagggccaa gtgccctaga 1140  
 gccacccggg tgcctgaag tctcggggg gaggccagcc cctggctcac tggcacaggg 1200  
 30 cagggtgggct ctcggggaag gtgtcgggg cccctagga gggagcgctg gggacattgc 1260  
 catgggacgg aagtctgctt ggcagtggct ttgataagcg atgcttgggg gtcagaccac 1320  
 cccctagagg agccacgtgc cggccagcca ccttcaatgc ctgccaccct gcccgaggat 1380  
 gtacagagcc gtgcccacac atttccttgc aacttgatca aatttcttaa agcaaacaac 1440  
 aaaaatgtac atttctgttt ttctttttaa taaacagggt tactctttat catgggttgg 1500  
 35 atgatggacc attctttggg gcgaggatt gattatgta ctctctttaa aatctgttcc 1560  
 catattgaac aggcagattg gaaaagctat gggtcgattt ctcaagaaga atgtttaggt 1620  
 cttagtcaat agttttaact atgccatttg tttaaatgag tgcatttgct tcgagggtag 1680  
 tgtcttacta aaagttagga acagagacct agtgggtgtt ccaaggccgt gtcactttcc 1740  
 ccttcagcac accccagctt ctgacctcag agcccaggag ctgcgtggac agtgtggggg 1800  
 40 gccaggagga ggggcgggtg ctggtcctca ggcacgtgc actcccagcc agacatgggt 1860  
 tttccggttt ttaagtagca agttaggtt tcagctggca gttccacctg catgttctct 1920  
 gcttcgctgc cttggaaggg gccacattcc ccattcctct tctccttaca gcgcctgcct 1980  
 cctttttaag caggcggaag gctgctgttt ctcacgtttc agggagaggg gtgaccagga 2040  
 gactgtgtcg tgcgtcggtc ctgggtggac ag 2072

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```

tttatggagt tagagcaggg gaacttaaaa acaaaagtgt atttaataac ttcattgagac 60
tgtgataacc agtttatatt tgaaatatat acagcacttt gggagactga gggttgacct120
tgatagtcct ttgcacagtg atcttcagat cttaaaagaa aaagaaggca tagaatatat180
tttgcttaac ttctctttta aggataactt tccatttgat cctccatttg ttcgagtggg240
gttacctgtt ctctcaggag ggtatgtatt ggggtggagga gcattatgta tggaaacttct300
cacaaaacag ggctggagca gtgcctactc aatagaatcg gtcattcatgc aaataaatgc360
caccttagtc aaaggcaaaag ccagagtgcg gtttggagca aataagaatc aatataatct420
agcaagagcc caacaatcct ataattccat tgtacagata catgagaaaa atggctggta480
caccctcca aagggaagtg gctaaatatg ttgactgttg tatgttttga ctaatgttgc540
tttaaagaaa atctttccaa catgcagaca aaagctttga gtgcccctat tacagcagta600
ccgaagatgt tagttaatag atatttttag ggataatctg tcatctgaca tccagtataa660
gttacagcct tcgcattttg ctcatttttag atatcttggg ctgagcagtg gggcctttac720
tgtatttttc ctgataaata cacatactgg ccactcctta tctcttttcc ttgaaaagtg780
aactttttta aggcagccaa gtcaacatca gggctactga agttggaggg ctttaggggt840
aactttccta tattgagccc atgggggttac aagggttttg caatatattg ttccctttta900
cagccaatac aggttttaac cggatgtttc aatattgggt tttaggggatt ttaagggccc960
tcttaagtca taatagccct                                     980

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 792 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

ctgtttggca gggcg g cctcgcaag atggtggcgc gcgc gtg tggtcccg 60  
 cgtctggcca agtctcgcg cacgcaaccg gccggcgctc cgttg gtg gagccccacac 120  
 ccaccgggtc cctgaccccg cccccccgc gcccggttcc cggcatgcct cgcgcccgtal 180  
 agggaaacac gctccggaag ggtggtcagc gccgtggagg aggtgcccgg agcagtgc 240  
 5 aagctgactc ggggtccagt gacgatgagg cagccagtga ggcccgcagc accgccagt 300  
 aatgccccag ccttctcagc accactgcag aggacagcct tgggggggat gtcgtggat 360  
 agcaagggcc agcaggaaga ccttgaggaa aagctgaagg agtatgtgga ctgtctcaca 420  
 gacaagagt gccaagaccg gcaggtgcct cttgagagcc tgcgcctggc cctagcgtcc 480  
 cgctactcc ccgacttctt gctggagcgc cgcctcacgc tagccgatgc cctggaaaag 540  
 10 tgcccaaga aagggaagg gagggaacaa gccctggctg ctgctgtgct aggcctgtc 600  
 tgctgcagc tgggcccctg acctaagggt gaggagctgt ttcacagcct gcagcctct 660  
 ctggctctctg tgctcagtga cagcacagct agcctgtctg cccggctcca cgtgagttgc 720  
 ctgtgccccca tgaaccctt cctgcaactt atccctcagc agagtggagg gttcccccta 780  
 tcttcagcct cc 792

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1092 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

gtgggtcccc ccggttccgg cgcggttgag gccttcgggtg gtgaacgagt ctccagcacc 60  
 atgtctggtt tgtctggccc accagcccgg cgcggccctt ttccgttagc gttgctgctt 120  
 ttgttctctc tcggccccag attggtcctt gccatctcct tccatctgcc cattaactct 180  
 cgcaagtgcc tccgtgagga gattcacaag gacctgctag tgactggcgc gtacgagatc 240  
 tccgaccagt ctggggggcg tggcgccctg cgcagcacct caagatcaca gattctgctg 300  
 45 gccatattct ctactccaaa gaggatgcaa ccaaggggaa atttgccctt accactgaag 360  
 attatgacat gtttgaagt gtttttgaga gcaagggaac agggcggata cctgaccaac 420  
 tcgtgatcct agacatgaag catggagtgg aggcgaaaaa ttacgaagag attgcaaaag 480  
 ttgagaagct caaaccatta gaggtagagc tgcgacgcct agaagacct tcagaatcta 540  
 ttgttaatga ttttgcttac atgaagaaga gagaagagga gatgcgtgat accaagagt 600  
 50 caacaaacac tcgggtccta tacttcagca tcttttcaat gttctgtctc attggactag 660  
 ctacctggca ggtcttctac ctgcgacgct tcttcaaggc caagaaattg attgagtaat 720  
 gaatgaggca tattctcctc ccaccttgta cctcagccag cagaacatcg ctgggacgtg 780  
 cctggcctaa ggcacacct caacagcacc atcaaggcac gttggagctt tcttgccaga 840  
 actgatctct tttggtgtgg gaggacatgg ggtaccacct acaccaaca agtcaatgag 900  
 55 ggacttcttt ttaatttggg aggattttga ctggttttgc aacaataggt ctattattag 960  
 agtcacctat gacaaaaaat agggggttac ctagataatg ccaaagtcag catttgtccc 1020  
 ggggtccctt gtgggagctg tgggacgatg ttttcttttc tgccctttt ccggagcgtg 1080  
 gggggccaaa ta 1092

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 5 (A) LÄNGE: 1523 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

25 ctcattgtcta aagaaattcc tttttgtgtg aaaaagacta agagcatctt caacagtgcc 60  
 atgcaagaga tggaggttta cgtggagaac atccgcagaa gtttgagggt ttttaattact 120  
 ctccatttag gacacctac acacccaaca gccagtatca aatgctgctc gatcccacca 180  
 accccagcgc cggcactgcc aagatagaca agcaggagaa ggtcaagctc aactttgaca 240  
 30 tgacggcatc ccccaagatc ctgatgagca agcctgtgct gagtgggggc acaggccgcc 300  
 ggatttcctt gtcggatatg ccgcgctccc ccatgagcac aaactcttct gtgcacacgg 360  
 gctccgacgt ggagcaggat gctgagaaga aggccacgtc gagccacttc agtgcgagcg 420  
 aggagtccat ggacttccag ggataagagc acagcttcac cagccatcca ccaagacggg 480  
 acaagcaggg agtttatccg gcagcccaaa gcccttctct cctcaactgt cagctcctat 540  
 35 cacgacgaaa acggacaaaa cctccaccac cggcagcatc ctgaatctta acctggatcg 600  
 aagcaaagct gagatggatt tgaaggagct gagcgagtgc gtccagcaac agtccacccc 660  
 tgttcctctc atctctccca agcgcagat tcttagcagg ttccagctga atcttgacaa 720  
 gaccatagag agttgcaaa cacaattagg cataaatgaa atctcggaa atgtctatac 780  
 ggccgtagag cacagcgatt cggaggattc tgagaagtca gatagtagcg atagttagta 840  
 40 tatcagtgat gatgagcaga agtctaagaa cgagccagaa gacacagagg acaaagaagg 900  
 ttgtcagatg gacaaagagc catctgtgtt taataaaaaa cccaagccta caaaccaggt 960  
 ggagattaaa gaggagctga aaagcacgtc accagccagc gagaaggcag accctggagc1020  
 agtcaaggac aaggccagcc ctgagcctga gaaggacttt tccgaaaagg caaaaccttc1080  
 acctaccccc ataaaggata aactgaaggg aaaagatgag acggattccc caacagtcca1140  
 45 tttgggctgt gactctgatt cagagagcga acttgtcata gatttaggag aagaccattc1200  
 tgggaggagg ggtcgaaaaa ataagaagga acccaaagaa ccattctcca aacaggatgt1260  
 tgtaggtaaa actccaccat ccacgacggt gggcagccat tctcccccg aaacaccggt1320  
 gctcaccgc tcttcgccc aaacttcgc ggtggcgcc acagccacca ccagcacgtc1380  
 ctccacggtc accgtcacgg ccccgccccc cgccgccaca ggaagcccag tgaaaaagca1440  
 50 gaggccgctt ttaccgaagg aggactgccc cggccgtgca qcggtccgt gtggaactca1500  
 tcaagtaaa tttcaaact cct 1523

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2241 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANDE: 2  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

cgccgccccaa ggcgcagaag ccgagctggg aaaagggagg cagaggaggc ggaggcagag 60  
gcagaggcag agcccgtgc cgagaccaag cgacagaccg gcggggctgg gcctcgcaaa 120  
gccggctcgg cgagctctcc cgacaccga gccggggagg aaaagcagcg actcctcgct 180  
cgcatccccg ggagccgcac tccagactgg ccggtagtc aggggctcag gaggcagatcc 240  
cgaggcagcg ttgtctcagc ctccgacgag ggctggccct ttggaaggcg ccttcaacag 300  
ccggaccaga caggccacca tgaccgagaa ttccacgtcc gccctgcgg ccaagcccaa 360  
gcgggccaag gcctccaaga agtccacaga ccaccccaag tattcagaca tgatcgtggc 420  
tgccatccag gccgagaaga accgcgctgg ctctcgcgc cagtccattc agaagtatat 480  
caagagccac tacaaggtgg gtgagaacgc tgactcgcag atcaagttgt ccatcaagcg 540  
cctggtcacc accggtgtcc tcaagcagac caaaggggtg ggggcctcgg ggtccttccg 600  
gctagccaag agcgacgaac ccaagaagtc agtggccttc aagaagacca agaaggaaat 660  
caagaaggta gccacgcaa agaaggcatc caagcccaag aaggctgcct ccaaagcccc 720  
aaccaagaaa cccaaagcca ccccggtcaa gaaggccaag aagaagctgg ctgccacgcc 780  
caagaaagcc aaaaaacca agactgtcaa agccaagccg gtcaaggcat ccaagcccaa 840  
aaaggccaaa ccagtgaaac ccaaagcaaa gtccagtgcc aagaggccg gcaagaagaa 900  
35 gtgacaatga agtcttttct tgccgacact cctcctgtc tcctattttc tgtaataaat 960  
tttctccttt tttctctctt gatgctcacc accacctttt gccccctttt gttctgactt1020  
tataagagac aggatttggg ttcttcagaa attacagaat aattcatttt tccttaacca1080  
gttgtgcaag gacagcaaca accaatctaa ttatgagaat gtacttatat tttgttttgc1140  
tattaacctt cttacggggt tagggatttg cgggggggct tgtgtgtttt gttggcttgt1200  
ttgccatgaa ggtagatgtg ggtggggaga agacacaagg cagtttgttc tggctagatg1260  
agagggaacc caggaattgt gaggttagca ggaatatctt tagggtgagt gatttttctt1320  
tgagttgggc acccgttgtg agagtttcag aacctttggc cagcaggaga gaggtggtag1380  
ggagcagcca gccggcaaag gaaggaggtg gaaaaaaacc gccaccgggc tgacttccac1440  
ctcccagtg tgagcagtg gggcccaaac ccagtttctt tctcattttt gttagtttgc1500  
45 cctttcggcc tccctatttt cttaggggag gggagtgggg tccaagtgc agctggatgg1560  
gagaagccat agtttctccc agtcagctag gatgtagcca ttgggggatc tttgtggctt1620  
cagcaaattc tctgtttaa ccggagtga aacttcaggg gaagggtggg gagtgcagcca1680  
agtgcctcag tgtgccctgt tgaaacttag gtttttccac gcaatcgatg gattgtgtcc1740  
taggaagact tttcttttcc tctggatttt tgttctcct gtacaagagg tgtctttgct1800  
50 tggtttgtgt gggctgcggc cacttaaaac ctcccgatct ctttttgagt cttttattat1860  
aagtagttgt agctgcggga gggggagggg gaggggcg gcagtggata gtaagactta1920  
ctgcagtcga tttgggattt gctaagtagt tttacagagc tagatctgtg tgcatgtgtg1980  
tgtttgtgta tatatacata tctagggcta gtacttagtt tcacaccggg gaggctggag2040  
aaaaaacctg tacagttgtc tttctcttat ttttaataaa atagaaaaat cgcgcacttg2100  
55 cgcgctcccc cccaccccc ttttttaaac aagtgttact tgtgccggga aaattttgct2160  
gtctttgtaa ttttaaaact ttaaaataaa ttggaaaagg gagaaactga aaaaaaaaaa2220  
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 2241

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 631 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

```

25  tgacaatggc ttctttaaaa tactcagagg acaggatcac ggtggaatcg aatcagaagt 60
    ggtggctgga attccacgca ccgatcagta ctgggaaaag atctaactctg ccgtgggcct120
    gtcgtgccag tcttgggggc gagatggggg tagaaatgca tgtgatgcgt taagtgcacg180
    taagatacaa gtttcagaca gggtcggaag gactggattg gccaaacatc agacctgtct240
    tccaaggaga ccaagtctctg gctacatccc agcctgtggt tacagtgcag acaggccatg300
30  tgagccaccg ctgccagcac agagcgtcct tccccctccg tgatccatcc atctccaggg360
    agcaagacag agacgcagga atggaaagcg gagttcctaa caggatgaaa gttcccccat420
    cagttcccccc agtacctcca agcaagtagc tttccacatt tgtcacagaa atcagaggag480
    agatggtggt gggagccctt tggagaacgc cagtctccca ggccccctgc atctatcgag540
    tttgcaatgt caaacctctc tgatcttggt tcagatgatt cttaatagga gtttattttt600
35  cgggcagctg cgaatcaggg gggtaaccag g                                     631
  
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 980 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: ( )

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

10 ggggccggga gggtaacttag ggccggggct ggcccagget acggcggtcg cagggctccg 60  
 gcaaccgctc cggcaacgcc aaccgctccg ctgcgcgcag gctgggctgc aggcctctcg 120  
 ctgcagcgct ggggtggatc aggatccggc ttccaacatg tggcagctct gggcctccct 180  
 ctgctgcctg ctggtgttg ccaatgcccg gagcaggccc tctttccatc coctgtcgga 240  
 tgagctggtc aactatgtca acaaacggaa taccacgtgg caggccgggc acaacttcta 300  
 caacgtggac atgagctact tgaagaggct atgtggtacc ttcttgggtg ggcccaagcc 360  
 accccagaga gttatgttta ccgaggacct gaagctgcct gcaagcttcg atgcacggga 420  
 15 acaatggcca cagtgtccca ccatcaaaga gatcagagac cagggctcct gtggctcctg 480  
 ctgggccttc ggggctgtgg aagccatctc tgaccggatc tgcattccca ccaatgcgca 540  
 cgtcagcgct gaggtgtcgg cggaggacct gctcacctgc tgtggcagca tgtgtgggga 600  
 cggctgtaat ggtggctatc ctgctgaagc ttggaacttc tggacaagaa aaggcctggt 660  
 ttctgggtggc ctctatgaat cccatgtagg gtgcagaccg tactccatcc ctccctgtga 720  
 20 gcaccacgtc aacggctccc ggcccccatg cacgggggag ggagataccc ccaagtgtag 780  
 caagatctgt gagcctgggt acagcccgac ctacaaacag gacaagcact acggatacaa 840  
 ttctacagcg tctccaatag cgagaaggac atcatggccg agatctacaa aaacggcccc 900  
 gtggagggag gttctctgtg tattcggact tctgcctaga gtcagggggg acaaaagtcc 960  
 cgggaatttg gggggccgcc 980

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 2238 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

50

55 cacatgttcg gggaccgagt ggggtcaatc ttctggtgct gcctctccag gtctcttcca 60  
 ggccggatcat agacgtactc cctctgaggc cgaccgatgg ttagaagagg tgtctaagag 120  
 cgtccgggct cagcagcccc aggcctcagc tgctcctctg cagccagttc tccagcctcc 180  
 tccacccaact gccatctccc agccagcatc acctttccaa gggaatgcat tcttcacctc 240  
 tcagcctgtg ccagtgggtg tggctccagc cctgcaacca gcctttgtcc ctgcccagtc 300  
 ctatcctgtg gccaatggaa tgccctatcc agccccta atgtgcctgtgg tgggcatcac 360

```

tccctccag atggtgg acgtatttgg cactgcaggc caccctt ctgcccattcc 420
ccatcagtc cccagcctgg tcaggcagca gacattccct cactacgagg caagcagtg 480
taccaccagt cctttcttta agcctcctgc tcagcacctc aacggttttg cagctttcaa 540
tggtgtagat gatggcaggt tggcctcagc agacaggcat acagaggttc ctacaggcac 600
5 ctgcccagtg gatccttttg aagcccagtg ggctgcatta gaaaataagt ccaagcagcg 660
tactaatccc tcccctacca accctttctc cagtgaacta cagaagacgt ttgaaattga 720
actttaagca atcattatgg ctatgtatct tgtccatacc agacagggag cagggggtag 780
cgggtcaaagg agcaaaacag actttgtctc ctgattagta ctcttttcac taatcccaaa 840
gggtcccaagg aacaagtcca ggcccagagt actgtgaggg gtgattttga aagacatggg 900
10 aaaaagcatt cctagagaaa agctgccttg caattaggct aaagaagtca aggaaatgtt 960
gctttctgta ctcctctctc ccttaccctc ttacaaatct ctggcaacag agaggcaaag 1020
tatctgaaca agaattctata ttccaagcac atttactgaa atgtaaaaca caacaggaag 1080
caaagcaatc tccctttgtt ttccaggcca ttcacctgcc tccgtgcagt agtggcctgt 1140
attagagatc aagaagagtg gtttgtgctc aggctgggga acagagaggc acgctatgct 1200
15 gccagaatcc ccaggagggc atatcagcaa ctgcccagca gagctatatt ttgggggaga 1260
agttgagctt ccattttgag taacagaata aatattatat atatcaaaag ccaaaatctt 1320
tatttttatg catttagaat attttaaata gttctcagat attaagaagt tgtatgagtt 1380
gtaagtaatc ttgcccagg taaaggggct agttgtaaga aattgtacat aagattgatt 1440
20 tatcattgat gctactgaa ataaaaagag gaaaggctgg aagctgcaga caggatccct 1500
agcttggttt ctgtcagtc ttcattgtaa gtagcacatt gcaacaacaa tcatgcttat 1560
gaccaataca gtcactaggt tgtagttttt tttaaataaa ggaaaagcag tattgtcctg 1620
gttttaaaacc tatgatggaa ttctaattgc attattttta tggaatcaat cgaaatatgc 1680
tctatagaga atatatcttt tatatattgc tgcagtttcc ttatgttaat cctttaacac 1740
taagtaaca tgacataatc ataccataga agggaacaca ggttaccata ttggtttgtat 1800
atatgggtct tgggtgggtt tgttttatcc tttaaatttt gttcccatga gttttgtggg 1860
gatggggatt ctggttttat tagctttgtg tgtgtcctct tccccaaaac ccccttttgg 1920
tgagaacatc cccttgacag ttgcagcctc ttgacctcgg ataacaataa gagagctcat 1980
ctcattttta cttttgaacg ttggccttac aatcaaattg aagttatata tatttgtact 2040
gatgaaaatt tataatctgc tttaacaaaa ataaatgttc atggtagaaa aatttgccca 2100
30 tgaagggtcg ttctttcccc ttctctttat tagtaaatga atttattttt cgttcttttg 2160
gtcttactct ccattctact gctgctgtaa atccctagtt tagtgactag aaaaataccc 2220
ttaagattca tattttca

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 398 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

5 tgcagattgg ttggg...gc ccggggagggc tggctccgac acac...ga gtgtgcctac 60  
 actggtccca caggttttca gctgtggagt ttgggatctg agctt...agc ccatttggtt 120  
 ctggcagttc cgctcatatt ttccacttga agacatcgcc tccgttcctt ccaagctggg 180  
 agaccagaag tcaacaacag gaggggtggag aggccgggtc tcacaatccg cttggctggg 240  
 gagtccactg aggttcttgc atcctgaagc aaaccatgga gagctggtgg ggacttccct 300  
 gttttgcgtt cctgtgtttt ctaatgcacg cccgaggtca aagagacttt gattttggca 360  
 gatgcccttg atgaccctga aaccaccaa gaagccaa 398

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1084 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

35

40

45

50

ggcggtggcg gaagtgggag cgggcctgga gtcttggcca taaagcctga ggcggcggca 60  
 cggcgagatt ggcggttg agagctcggg agagttccct ggaaccagaa cttggacctt 120  
 ctgcgttctg tcttcggtt agtctcctcc tcggcgggag cctcgcgacg gcccgggccg 180  
 gagccccag cgcaggcccg cgtttgaagg atgacctcta ggaagaaagt gttgctgaag 240  
 gttatcatcc tgggagattc tggagtccgg aagacatcac tcatgaacca gtatgtgaat 300  
 aagaaattca gcaatcagta caaagccaca ataggagctg actttctgac caaggaggtg 360  
 atggtggatg acaggctagt cacaatgcag atatgggaca cagcaggaca ggaacggttc 420  
 cagtctctcg gtgtggcctt ctacagaggt gcagactgct gcgttctggt atttgatgtg 480  
 actgccccca acacattcaa aaccctagat agctggagag atgagtttct catccaggcc 540  
 agtccccgag atcctgaaaa ctcccatctt gttgtgttg gaaacaagat tgacctcgaa 600  
 aacagacaag tggccacaaa gcgggcacag gcctggtgct acagcaaaaa caacattccc 660  
 tactttgaga ccagtgccaa ggaggccatc aacgtggagc aggcgttcca gacgattgca 720  
 cggaatgcac ttaagcagga aacggagggt gagctgtaca acgaatttcc tgaacctatc 780  
 aaactggaca agaatgaccg ggccaaggcc tcggcagaaa gctgcagttg ctgagggggc 840  
 agtgagagtt gagcacagag tccttcacaa accaagaaca cacgtaggcc ttcaacacaa 900  
 ttccccctct ctcttccaaa caaacatac attgatctct cacatccagc tgccaaaaga 960  
 aaaccccatc aaacacagtt acacccaca tattctctca cacacacaca cacacggcac 1020  
 acacacacac acaggtttgg acgttattca gattgcggcc ttgtccgtgt tgggttcgtg 1080  
 gggg 1084


## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

55

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG:   
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

25

30

35

```

taaaatacag aagaagagtc cacacactgt ttcacgagaa ggagtgtatc atgatttgta 60
gtaatogaag aacatgttta tgggaacagg gtgactcagc tctcctgggg aggatggatg 120
aggagttagc aggaagagag ggtaccaagt gaggggaaaag cagcagggtg ggtctggggc 180
atggacagga agcagaggct gggaaaagct acatctttta ttcagtcttt ttcacaggag 240
ctgaagtggg aatcagtaga tcgagaatcc acggccgggg accagtagga cttgagggac 300
tgcttactac taagtggctg ctgagaggga aggaccacgt ggtctcagat ttctcagagc 360
atggaagttt aaaatatctt catgagaacc tccctattcc tcagagaaac accaactgaa 420
aagagccagg aaaaccggg aattttccaa aaggctctca cgttaaactt gtcttatctc 480
aggagagagc ccgctcttgt ctcccagttc ctggtagggt ctgcctgttg gaaagtgtac 540
ctggatgctt ctgggctccg tttggcaata gcaatcttg ctgatgtgca cagtctggct 600
cccagctcac cctttttttt taaaagtaag aaaatagttg ctaccgatag ggactttgcc 660
aagtccaatt atcttctagg attgaaaggt gcattttccc cataaaaaag gcgaggaaaa 720
cccatggctg ctttgtgtca cctcagtgac ttacagtccc ccttggcatt tagttggtac 780
tagagccagt catccttaac aaatcttttc acattttatt tctttcacat gtatgcatct 840
tcaaaaagga aagatttgga attttagaaa aggggcaact cttcttttta gcattctcat 900
cagaaagtca caaaaatcga tggaaatcatt tccactggga agattgacct tttgtattta 960
tttgtggggg aaattaataa gcattccaga tgcttgagc ttctctgcatc caggagatgc 1020
tgtgttcccc gtgatgcagc tggaaaccaa gctgcagcag gagatgcaag tttcaggatg 1080
ttccccactg agctggagga atatctacag cagtgatgct tgaaattttt gtatgaattat 1140
ttttgtcgtc ctaccctttt cctccaaaac aaaaattaga ggattatttt aatactttgg 1200
attcttcccc ctttttttgag aaataaagtt ttttatgaaa agccaaaaaa aaaaaaaaaa 1259
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 1938 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

10 ccaagatggc ggcacgatgc ctgcccggct gttgggggtgg cggtgacgac aggcagcaaa 60
   agaccagctg gtcccagatt cgctgctgga gtgctggatg gagcctttct ctgccctctg 120
   tgacatttcc aatttttagat aatgcctcac atctctgtcc ccccgaggacc ccctggagcc 180
   cccatgatcc ctaagaagac agcttgaacc tagatctcac ccccaggatg ttgctggaggc 240
   tgctggagcg gccttgcaag ctggccctgc ttgtgggctc ccagctggct gtcctgatgt 300
15 acctgtcaact ggggggcttc cgaagtctca gtgccctatt tggccgagat cagggaccga 360
   catttgacta ttctcaccct cgtgatgtct acagtaacct cagtcacctg cctggggccc 420
   caggggggtcc tccagctcct caaggtctgc cctactgtcc agaacgatct cctctcttag 480
   tgggtcctgt gtcggtgtcc tttagcccag tgccatcact ggcagagatt gtggagcga 540
   atccccgggt agaaccaggg ggccgggtacc gccctgcagg ttgtgagccc cgctcccga 600
20 cagccatcat tgtgcctcat cgtgcccggg agcaccacct gcgcctgtct cctaccacc 660
   tgcacccctt cttgcagcgc cagcagcttg cttatggcat ctatgtcatc caccaggctg 720
   gaaatggaac atttaacagg gcaaaactgt tgaacgttgg ggtgcgagag gccctgcgtg 780
   atgaagagtg ggactgcctg ttcttgcaag atgtggacct cttgccagaa aatgaccaca 840
   atctgtatgt gtgtgacccc cggggacccc gccatgttgc cgttgctatg aacaagtgtg 900
25 gatacagcct cccgtacccc cagtacttcg gaggagtctc agcacttact cctgaccagt 960
   acctgaagat gaatggcttc cccaatgaat actggggctg ggggtggtgag gatgacgaca 1020
   ttgctaccag ggtgcgctct gctgggatga agatctctct gcccccaca tctgtaggac 1080
   actataagat ggtgaagcac cgaggagata agggcaatga ggaaaatccc cacagatttg 1140
   acctcctggt ccgtacccag aattcctgga cgcaagatgg gatgaactca ctgacatacc 1200
30 agttgctggc tcgagagctg gggcctcttt ataccaacat cacagcagac attgggactg 1260
   accctcgggg tcctcgggct cctctctggg cacgttacct acctggttcc tcccagcct 1320
   tccgtcaaga gatgctgcaa cgccggcccc cagccaggcc tgggcctcta tctactgcca 1380
   accacacagc cctccgaggt tcacactgac tcctccttcc tgtctacctt aatcatgaaa 1440
   ccgaattcat ggggttgtat tctccccacc ctgactcct cactgttctc agagggatgt 1500
35 gagggaaactg aactctggtg ccgtgctagg gggtaggggc ctctccctca ctgctggact 1560
   ggagctgggc tcctgtagac ctgaggggtc cctctctcta gggctcctg tagggcttat 1620
   gactgtgaat ccttgatgtc atgattttat gtgacgattc ctaggagtcc ctgcccctag 1680
   agtaggagca gggctggacc ccaagccctt cctctctcca tggagagaag agtgatctgg 1740
   cttctcctcg gacctctgtg aatattttatt ctattttatg ttcccgggaa gttgtttgg 1800
40 gaaggaaagc cctccctggg cattttctgc ctatgctgga atagctccct cttctgggtc 1860
   tggctcaggg ggctgggatt ttgatatttt ttctaataaa ggactttgtc tcgcaaaaaa 1920
   aaaaaaaaaa aaaaaaaa
  
```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1874 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

10

```

caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcac cattcccttc gacagcattt tccctctgctt 60
tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtgagg gtagaatgac 180
tccctgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaacia tgtattttct tcacctctgc 240
tactcaagta gcattttactg tgtctttggg ttgtgctagg ccccggggtg tgaagcacag 300
accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag tctttgccac tttttttttt 360
aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttccctt 420
tttgcatctt cctcctcttc ctctcttgta gccttttgac tttcattgga aattaggatg 480
taaactctgt caggagacct ggaggagcag aggataatta gcctctcagg ttaagtgtga 540
gtaactctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gaggggtttt 600
aqcattgata tttgtgcatt ttctaaacag agatgaggtg gtatcttcac gtagaacatt 660
ggatattcgt tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcataatatt gggtccattc 840
tcacctatcc acacaacata tccgtatata tccccctctc tcttacttcc cccaaattta 900
aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccaccccat tctctctcca cacacagact 960
catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaaca ttaccaatca 1020
tattaatata atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc 1080
tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg 1140
gtgccctggc ttctctgagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200
tgaaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc 1260
tctagaaaaga atatttggtt ttctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggatatt 1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tctctatttt 1380
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
agtctgggag tggggaagtg atcttttggt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
tgagggaaaa gggagggaaa aggaagtat gggaatacct gtggtggttg tgatccctag 1560
gtcttgggag ctcttgagg tgtctgtatc agtggaattt ccatcccttg tgggaaatta 1620
gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaagc 1680
aaacccagtg tcaggatggt aattcttatt cttctgttca gtttaagttt tcccttcatt 1740
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat 1800
tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
tcaaaaaaaaa aaat
1874

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

5 RDIWTMNLQR YWGEIPISSS QTNRSSFDLL PREFRLVEVH DPPLHQPSAN KPKPPTMLDI 60  
 PSEPCSLTIH TIQLIQHNRR LRNLIATAQA QNQQQTEGVK TEESEPLPSC PGSPPLPDDL120  
 LPLDCKNPNA PFQIRHSDPE SDFYRGKGEP VTELSWHSCR QLLYQSGTN PGQRRAFDCA180  
 NESVLEDPNL MLAHEYWP 198

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

10

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

IVWMVRLHGS EGMSSIVGGF GLLAEGWCRG GSWTSTRNS RGSKSKELLL VWLDDIGISP60  
 QYLCRFIVHM SLQVQQTFIK CQAFCVGQRL IM 92

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

DPCPERSTKN RHGAQGMPSK LQGFPRSRSA GAGANHRVLR SPDVQGSRTK GRSGPEPRQG60  
 GTTLFTAASQ SGLGGCLDLE RPEARIASDP ESWFVD 96

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

15 EGRVQQGSFV NVQQGPQEPF IEFHQLTQA IKSTHGTSTI PRVSRITLKD KP 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

35 PSRTSHSGTL PIPRLKICFK KRGNMNKDPT TLLAQVLFTL NFLNLON 47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

LSKFKKLRVN NTCASSVVGS LFIFPLFLKH IFKRGMGVNP LWLVLEGYTR YPWNGRCSMC60

ALNCLG

66

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- 5 (A) LÄNGE: 187minosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

REGEGRPEGN GDIRGGLRSG CDLSLLAPLL PPSSSESWE CYPWKIKLGL QELSVWEESM 60  
 AQHSACVPFC SGSLSPFPSQ PQRLSPSPSS SPEDSSDGRA GPPEPTGSSG CTGSWCSLSP120  
 VHFSHWGMFC PCILCCRSPH LHLRGLGSPS SPQCPQSLSQ TVGWNMRLEA ERGSEHHSPC180  
 TWVASCP 187

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149

- 30 (A) LÄNGE: 147minosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149

REDWNRGKGE VAPCFVQPGS WQPCWGLDP TTPAHLAEHL VPIEDCLPLL LHLQLPPLL 60  
 TFHTLQDCVC SGSPGECSSC CHRASILILL LIVQLLSVCI RLSDQRVHQH QEGHVEQQGT120  
 HHGQVDDNDD LDGGGLRSSY LSHSRQ 147

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150

FFFFFWREIK QFNDGFOLDLH TTLRQEDKIF SPCTGTTKFR DKRQPKYRGC GVQIHAQPRV 60  
SCSNRPSGSV TVDTGERRDC POPSSAGEGT GSRVCMGTPC PSARSAQGTA NTSFQCTLKT120  
15 QWAQGAQLSH QSCPQGSWG WG 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151

(A) LÄNGE: 464inosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151

35 RQQTVLGSCS SSILPCQLLK HQGSSKTEMT KNWLIQTKRR YFSSPKQMSM THWPRTAWLT 60  
GCSVTLFLFP SQYVDVASLG LVPQLTGGLT YKYNFQMHM DRQQFLNDLR NDIEKKIGFD120  
AIMRVRTSTG FRATDFFGGI LMNNTTDVEM AAIDCDKAVT VEFKHDDKLS EDGALIQCA180  
VLYTTISGQR RLRIHNLGLN CSSQLADLYK SCETDALINF FAKSAFKAVL HQPLKVIREI240  
LVNQTAHMLA CYRKNCASPS AASQLILPDS MKVLPVYMNC LLKNCVLLSR PEISTERAY300  
40 QRQLVMTMGV ADSQLFFYPQ LLPHTLDVK STMLPAAVRC SESRLSEEGI FLLANGLHMF360  
LWLGVSSPPE LIQGIFNVPS FAHINTDML LPEVGNPYSQ QLRMIMGIIQ QKRPYSMKLT420  
IVKQREQPEM VFRQFLVEDK GLYGGSSYVD FLCCVHKEIC QLLN 464

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152

45

(A) LÄNGE: 172minosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152

TMLEKIPKEE QEETSAIRVG FITYNKVLHF FNVKSNLAQP QMMGVTDVGE VEVPLLDGFL 60  
VNYQESQSVI RNLLDQIPDM FADSNENETV FAPVIQAGME ALKAADCPGK LFIFHSSLPT120  
AEAPGKLKLR DDKKLVNTDK EKILFQPQTN VYDSLAKDCV AHRLLCDTLP LS 172

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153

30 GSTVFTEFVI VLELHGHC LV TIDGSHFYIG GVVHQDSTKE ISGSETCAGT NPHNSIKAYF 60  
LFNIISEVVQ KLLSIQVHLE IVVFVKGSSS ELRNQPQRGH VHILTRKEE CHRAAGEPRS120  
PWPMShRLHF GAGKVSSLCL Y 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

35

(A) LÄNGE: 504 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

50

LDRCGLYPVS SLLQVEGSLW RAAGVFQPPP GLAHANDWRF TARVHGGALG EHKMVAAT 60  
GSEILLWALQ AEGGGSEIGV FHLGVPVEAL FVGNQLIAT SHTGRIGVWN AVTKHWQVQE120  
VQPITSYDAA GSFLLLGCNN GSIYYVDVQK FPLRMKNDL LVSELYRDP A EDGVTALSVY180  
LTPKTSDSGN WIEIAYGTSS GGVRVIVQHP ETVGSGPQLF QTFTVHRSPV TKIMLSEKHL240  
55 ISVCADNNHV RTWSVTRFRG MISTQPGSTP LASFKILALE SADGHGGCSA GNDIGPYGER300

DDQQVFIQKV VPSASQI LSSTGQRVCS VRSVDGSPTT AFTVLE RRLGSRPRRY360  
 LLTGQANGSL AMWDLTTAMD GLGQAPAGGL TEQELMEQLE HCELAPPAPS APSWGCLPSP420  
 SPRISLTSLH SASSNTSLSG HRGSPSPQA EARRRGGGSF VERCQELVRS GPDLRPPPTP480  
 APWPSSGLGT PLTPPKMKLN ETSF 504

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- 10 (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

25 GQPARPGAMA AAATAAEGVP SRGPPGEVIH LNVGGKRFST SRQTLTWIPD SFFSSLLSGR 60  
 ISTLKDETGA IFIDRDPTVF APILNFLRTK ELDPRGVHGS SLLHEAQFYG LTPLVRRQL120  
 REELDRSSCG NVLFNGYLPP PVFPVKRRNR HSLVGPQQLG GRPAPVRRSN TMPPNLGNAG180  
 LLGRMLDEKT PPSPSGQPEE PGMVRLVCGH HNWIAYAYTQ FLVCYRLKEA SGGQLVFSSP240  
 RLDWPMRTTG ASQPGCMVGL WVNMTWWQQ PPAARSCYGL CRRKAVAPR 289

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- 35 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

50 VPQDQGIPRH HGSCVVQKEV SLSFILGGVR GVPRPLEGHG AGVGGRRRSG PLRTSSWQRS 60  
 TKLPPPPRRRA SACGGLGLPR WPDKEVLLEA EWRLVREMRG EGLGRQPHEG AEGAGGASSQ120  
 CSSCSISSCS VRPPAGAWPR PSMVVRSHM AKLPLAWPVS R 161

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- 55 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

15

QLWGFAAGSD SRPAMGCDGG TIPKRHELVK GPKKVEKVDK DAELVAQWNY CTLSQEILRR 60  
PIVACELGRL YNKDAVIEFL LDKSAEKALG KAASHIKSIK NVTELKLSN PAWEGDKGNT120  
KGDKHDDLQR ARFICPVVGL EMNGRHRFCF LRCCGCVFSE RALKEIKAEV CHTCGAAFQE180  
DDVIVLNGTK EDVDVLKTRM EERRLRANWK RKQRNPRQQS LFQNQMSVKK PQGHQKLROG240  
SLKKPALILE RPKPTWLPKA QQ 262

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

40

CHRAQWHQGG CGRAEDKDGG EKAESELEKK TKKPKAAESV SKPDVSEEAP GPSKVKTGKP 60  
EEASLDSREK KTNLAPKSTA MNESSSGKAG KPPCGATKRS IADSESEAY KSLFTTHSSA120  
KRSKEESAHW VTHTSYCF 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

45

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

HLVLKQTLLP WVSLSFSPIR SQPSLLHPCL QHVHILLGAI EHDDIILLEG SPTRVANFRF 60  
YLFQGSRLKH TAAAPKEAEP VSAVHLQAHN GADETRPLEV IVLVTFSVSF IPFPGRIIRK120  
LQLCHILNAF NVRCCLPKSL FCRFVQEFEN DGIFVIKSAK FTGNYWSS 168

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 238 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

30 HQWHITAMGS QHSAAARPSS CRRKQEDDRD GLLAEREQEE AIAQFPYVEF TGRDSITCLT 60  
CQGTGYIPTE QVNELVALIP HSDQRLRPQR TKQYVLLSIL LCLLASGLVV FFLFPHSVLV120  
DDGIGKVVKV TFNKQDSLVI LTIMATLKIR NSNFYTVAVT SLSSQIQYMN TVVNFTGKAE180  
MGGPFSYVYF FCTVPEILVH NIVIFMRTSV KISYIGLMTQ SSLETHHYVD CCGNSTAI 238

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

SSHEDHYVVH QDLRYRAEV HIGKRSSHG LPGKIHHCVH VLNLAQAGH CHRVEVGVPD60  
FQGGHDGENY KGVLLIKCDF HHFDAVIIHK D 91

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- 5 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

MRKQEEHQHT RCQETKQDGQ EDILLSSLRA QSLITVWDQS HQLIYLLCWN VACPLARETG 60  
 DAISPGEFHI WELSNQFFLL SFSQQTVPEVI FLLSPAGGGA SSSGMLRPHG RDMPLVSCPA120  
 SSVGGAARTQ RAG 133

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- 25 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

40 AAGAAGPHRR RHPLHPSLLR EHHSQAQAPG GVRPGQSTLS RIEAVQPQLP RPSGLPSLWG60  
 WLPWLLGTRP QRHPEIPPET QCASTAVRRS A 91

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- 45 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

LDNPTQRNKD QLIRAAVKFL DTDTCYRVE EPETLVELQR NEWDPPIEWA EKRYGVEISS 60  
STSIMGPSIP AKTREVLVSH LASYNTWALQ GIEFVAAQLK SMVLTGLID LRLTVEQAVL120  
10 LSRLEEEYQI QKWGNIEWAH DYELQELRAR TAAGTLFIHL CSESTTVKHK LLKE 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

15

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

30 CLGLLHPVAD GVG VQKLHGC PDQLILVSLG WVVQSRVAQC GQVHGVVLDG ILLGIPLSTL60  
CTCQGL 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

35

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

50

SWRETEIKEQ LTHELCTIIQ QNELRKAKKL EELMQQLDVE ADEETLELEV EVERLLHEQE 60  
VESRRPVVRL ERPFQPAEES VTLEFAKENR KCQEQAVSPK VDDQCGNSSS IPFLSPNCPN120  
QEGNDISAAL AT 132

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- 5 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

QILMSHSPQ AEMASLNEPL VSLILLVRV AISRPPQAP KSLHRLHLV VASTPPTSWP60  
 FGAHFAV 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 25 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

40 NGLSKRTTGL LDSTSCSCSN LSTSTSSSKV SSSASTSSCC INSSNFLAFR SSFCCMIVQR60  
 CSVSCSFISV SRHE 74

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- 45 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

GRGGLGCRSW RCAGSSRPYS EVFSVALLER GSSCILRIFC ISAPFSSRCH RMPQIGPVPS60  
VNQTSETASL QGQSPSTDEL ERDSEMQRP 89

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

GPLHFRIPLK LICTWTLTLLK RGGFRSLIHR GDRTYLGHPM AARREGSRNA KYSQDAGGTP60  
LKERHGENFR VRAR 74

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

AVAFQNPSQA HLYLSDPEA RRFPKSDSPR GQDLFGASDG SEKRREPKCK IFSRCRRNPS60  
QGAPRRKLQS TGAMIQHNAR TCSPAHLSP 89

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

PSPAVLGDQP PSASGAVHRK LSLEVCCCQE RAQMGPVMAA TSTSCGRARL LARSAQWLTT 60  
 MLSSAAVWLG SRRLTCGEN PSYALVAFLC LSRESPSAKP 100

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 495 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

40

SRTNTPVETW KSGKQSYT YIIIEENTTTT FTWAFQRTTF HEASRKYTND VAKIYSINVT 60  
 NVMNGVASYS RPCALEASDV GSSCTSCPAG YYIDRDSGTC HSCPPNTILK AHQPYGVQAC120  
 VPCGPGTKNN KIHSLCYNDC TFSRNTPTRT FNYNFSALAN TVTLAGGPSF TSKGLKYFHH180  
 FTLSLCGNQG RKMSVCTDNV TDLRIPEGES GFSKSITAYV CQAVIIPPEV TGYKAGVSSQ240  
 PVSLADRLIG VTDTMTLDGI TSPAELFHLE SLGIPDVIFF YRSNDVTQSC SSGRSTTIRV300  
 RCSPQKTVPK SLLLPGTCSG GTCDCGNCNHF LWESAAACPL CSVADYHAIV SSCVAGIQKT360  
 TYVWREPKLC SGGISLPEQR VTICKTIDFW LKVGISAGTC TAILLTVLTC YFWKKNQKLE420  
 45 YKYSKLVNNA TLKDCDLPAA DSCAIMEGED VEDDLIFTSK KSLFGKIKSF TSKRTPDGFD480  
 SVPLKTSSGG PDMDL 495

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

50

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

GHNEEISSSG CCRMLAPKSP QACKGAMQGE EAGEAGSASH RMSGPPEDV FSGTESNPSG 60  
VLLEVNDLIF PKSDFLLVKM RSSSTSSPSM MAQLSAAGRS QSLRVAFITS LEYLYSSF 118

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

RNTRGHFRAC QRKLKPCSVS TVYKFNARNAC QRGLFEKRVF SEPVLSVQEK GVLLKRRKLSL 60  
LEQDVIVNED GRNKLKKQGE TPNEVCMFSL AYGDIPEELI DVSDFECSLC MRLFFEPVTT120  
35 PCGHSFCKNC LERCLDHAPY CPLCKESLKE YLADRRYCVT QLLEGINSEV SA 172

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 248 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

QIGGTVSHSC WKELI LP DELSERKKIY DEETAELSHL TKNV CT MAYPTVPCPL 60  
 HVFEPRYRLM IRRSIQIGTK QFGMCVSDTQ NSFADYGCML QIRNV LPD GRSVVDTVGG120  
 KRFRVLKRG M KDGICTADIE YLEDVKVENE DEIKNLRELH DLVYSQACSW FQNLDRFRS180  
 QILQHFGSMP ERRENQAAP NGPAWCWLL AVLPVDPYQ LSVLSMKSLK ERLTKIQHIL240  
 5 TYFSRDQF 248

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- 10 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

25 HSTSYLLDTL LSFLCKEDNM VHDLNNAQDN SYRTNVRKGL LLAQKTTSCR ENTRNLRHRL 60  
 ILLEYHHKLR KTYRLHWEFL LVFSAYFFHL HLQSHPVLE TFFSAEHLF LELTEQVLRA120  
 LFFQTVLSGR HFC 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 30 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

45 SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60  
 EEPEPLSP EL EYIPRKRGKN PMKAVGLAWA IGFP CGILF ILTKREV D KD RVKQMKARQN120  
 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSDPVGS GV QT 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- 55 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

15 EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSLVRMK 60  
RRIPQKGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSSELWLCRA RVLL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

35 GLATAWASCA LWWTSEARTG IWAKPEDLTV NSLGGSSQRSS GLHPRPNIRG RGTLLGGSPEP 60  
LALILARVGQ PHVLPSLHLL HTVLVHFPLG EDEEEDTTRE ADGPGQSHSF HGVLAPLSGN120  
VFQLRG 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

40

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

LVKCPKGEFS FHSNKDRFAH SLKQNVAMNI QPLHTYKDVR MIPPTKHTHS HTRTHTHMHT60  
 RACTHGHMHT HTHT 74

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- 10 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

25 ILISFKQRQI CAFTQAECGH EYSAPAYIQR CTHDSPHQAQ TQSHTHTHTH AHTRVHTRTH60  
 AHTHAHVNTC THAHTCTHAH TDTL 84

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- 30 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

45 VCPCVHVCTC VHVCMCLRVR VCVHVSVCAR ACVHVCVCAC VTVCVLGGGN HAYIFVCMQG60  
 LNIHGILLE 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

50

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

TVKFLRRLKV RGTKAGEISL SPEEGEADGS QQPALFLRVI FKFANCITGG PTFCFYQEFF60  
FCSKTLVMGI F 71

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

YLNQIVLQE GLLSVFIKSF SFVQRHWLWE YFERVRNAGI KRCCRLILKV LTPV 55

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

KQGRLLTSIC FSLLRKANL PCFGSPHFQP SQEFHCS

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 5 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

SPLLWFPALS AFSGISLFII YFHDLSAKLL IFCRKKV

37

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- 25 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

40 MPDFKIARRK QTLRIKKAGH LLNPWLHHKA LGLGFLYLIE VFSVALGAVC LSPTPKDARK 60  
 TSTISHVATF TSMPHKCLSE SPNSAFPQNK PNAIQKKKK 100

## 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

10 RSQAGPEAGQ PLPGSGKRSS CCHCSSGACS MGPLPRTVEL FYDVLSPYSW LGFEILCRYQ 60  
 NIWNINLQLR PSLITGIMKD SGNKPPGLLP RKGLYMANDL KLLRHHLQIP IHFPKDFLSV120  
 MLEKGSLSAM RFLTAVNLEH PEMLEKASRE LWMRVWSRNE DITEPQSILA AAEKAGMSAE180  
 QAQGLLEKIA TPKVKNQLKE TTEAACRYGA EGLPITVAHV DGQTHMLFGS DRMELLAHLL240  
 GEKWMGPIPP AVNARL 256

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 190 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

35 SLAFTAGGIG PIHFSPSRCA SSSIRSEPNN MWVWPSTWAT VMGSPKAPYL QAASVVSLSW 60  
 FFTFGVAIFS RSPWACSADI PAFSAAARM L CGSMSSFLD QTRIHSSRDA FSSISGCSKF120  
 TAVRKRMADK LPFSSITDKK SLGKWMGIWR WCLRSFKSFA MYSPLRGSRP GGLFPLSFMI180  
 PVMRLGRNCR LMFQIF 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

EQRASAMRSS RAFRTVCSSW ATHGQLPAGL DDKTNIKTVC TYWEDTHSCT VTALTDCEG 60  
 AKDMWDKLRK ESKNLNIQGS LFELCGSGNG AAGSLLPAFP VLLVSLAAL ATWLSF 116

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 10 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

25 KRESGFPTIL YECFQHHRES QRPQRTNGSS SRFPGAWSEC GWARGGSWPH AQKESQVAKA 60  
 AERDTRSTGN AGSRDPAAPL PLPQSSNKLP WMLRFDSFL SLSHISFAPS WQSVRAVTVQ120  
 LWKSSQYVHT VLMFVLSSRP AGSWPCVAQL EQTVRKALED RIALARCSHG LHQIRYLHRE180  
 DQ 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- 30 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

HLANKTQEI KRNKKNQDFP QSYMSVFSIT ENHNVPKELM DLPLDFREHG VSVGGRAGGA 60  
 GPTLRRKARS LKLPRETPGA PGTPGAGTPP PRCRCRRVRI SCLGC 105

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- 55 (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

15

EIYSLSRFIE VKMSKKISGG SVVEMQGDEN TRIIWELIKE KLIFPYVELD LHSYDLGIEN 60  
 RDATNDQVTK DAAEAIAKKHN VGVKCATITP DEKRVEEFKL KQMWKSPNGT IRNILGGTVF120  
 REAIICKNIP RLVSGWVKPI IIGRHAYGDQ YRATDFVVPD PGKVEITYTP SDGTQKVITYL180  
 VHNFEEGGGV AMGMYNQDKS IEDFAHSSFQ MALSKGWPLY LSTKNTILKK YDGRFKDIFQ240  
 EIYDKQYKSQ FEAQKIWYEH RLIDDMVAQA MKSEGGFIWA CKNYDGDVQS DSVAGGYGSL300  
 GMMTSVLVCP DGKTVEAEAA HGTVTRHYRM YQKGQETSTN PIASIFAWTR GLAHRACLON360  
 NKELAFFANA LEEVSIETIE AGFMTKDIAA CIKGLPNVQR SDYLNTEFEM DKLGENLKIK420  
 LAQAKL 426

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

25

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

40

RLLPKHLQRR QALYCYQALL CGLTLWSRQK WKQWDWWTSP VLSGTCGSDG LQSRGQPLLL60  
 LSCHLDKPAR WSSCRESHTL GPQSPTARHH HSFYRPR 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

45

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

5

LILIIHPHGN TTTFKVMYQ VCHLLGSVTW CVGYLYFSRP RNNKISCSVL IPISMTTYDD60  
RFYPSTHKPG DIFADNGFSE DRATQNISYG AIW 93

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

(A) LÄNGE: 410 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

30

TDQPNIQSVK IHSLPLRNPN KGCECPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60  
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPGKTV SFHSHSDHRF LGTVEKEATF SNPKTTSFNK120  
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFQAKDVE GSTSPQIGDK VEFISIDKQR PGQQVATCVR180  
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVSLEL GDMVEYSLSK240  
GKGNKVSARK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300  
GEVYPFGIVG MANKGDCLQK GESVKFQLCV LGQNAQT MAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360  
NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVIPKSSGG LAGSGACRCF 410

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

55

LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60  
LPFLQAIPIFV GHPNDAKWID LTFHIALLHN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120  
LSNAIH 126

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- 5 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLLF60  
 AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- 25 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

40 ATMRLSVCLL MVSLALCCYQ AHALVCPAVA SEITVFLFLS DAAVNLQVAK LNPPPEALAA60  
 KLEVKHCTDQ ISFKKRLLI 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- 45 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

SVQCFTSNLA ARASGGGLSL ATWRFTAASL KNKKTWISEA TAGQTRAWAW

50

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

QVAVEKTLET QVEHFYMSHT HIFSLFPPT FSNEKPFLKR YLIGAVLHFQ LGCKSFWRWI60  
KFGNLEVYRS VT

72

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

50 SFSPSLTTRA MNSSASSTST CSSYTLGTRL PVGGRGPTKV TCCTSNRLTL SLD

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 12 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

ALVVRFLTGR FIGDYERNAG NLYTRQVQIE GETLALQVQD TPGIQVHENS LSCSEQLNRC 60  
 IRWADAVVIV FSITDYKSYE LISQLHQHVQ QLHLGHPAAC GSWANKSDL LHIKQVDPQL120  
 G 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

LLHVLVELAD EFIALVVSDG ENDHHSICPA NAPIQLFTAA QAVLMDLNTW SVLNLKSQGF60  
 TFYLNLSIE ITCISFIVTD ESFGEEPDPHQ C 91

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

5 GPLPALAAGS TFPVLACSSA MAPKGSSKQQ SEEDLLLQDF SRNLSAKSSA LFFGNAFIVS 60  
 AIPWLYWRI WHMDLIQSAV LYSVMTLVST YLVAFAYKNV KFVLKHKVAQ KREDAVSKEV120  
 TRKLSEADNR KMSRKEKDER ILWKKNEVAD YEATTFESIFY NNTLELVVVI VASFFILKNF180  
 NPTVNYILSI SASSGLIALL STGSK 205

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- 15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

30 VLHQDSSPSC LLAPNRPCQL HPLALCLWVA CGIWKSSRVV RVGDTRCFYS LEPLKNPAEC 60  
 NSVFVYWLFF DRLLKLNELK GKLRVLGRL KKKCLAMCC NHKRRK 106

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- 35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

50 STYGQYVVHC GVEVLQYEEG SNNDHDQEQS VVIEDGKCCS FIISNFILLP QDSFIFLLPR 60  
 HLSIISFRKF SSHFFGNSIL PLLCYFVLEN KFHLVCKGY QICAY 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTDQDN LLDANVNLML 60  
 ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120  
 YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180  
 HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240  
 IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KKIKVYEYDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300  
 KNLLASSDYE GTVILWDGFT GQRSKVYQEH EKRCWSVDEN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360  
 TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420  
 SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSEFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480  
 SLYLYYKGLS KTLTTFKFDT VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540  
 GTIKVLELV 549

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

30

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTSSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60  
 SSCFFECTSN SNIRLTAKS RLSWSVPNQS 90

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

FPSSLLFFFF FFFFCGSIN FYCFVIYFYS KEFVSLSQKL DNTTKSSNVH GVTLMVESWL60  
GIPNVPKVIK EGKEKKKKIF KTNPKPMMTL GRDIT 95

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

KKMVRLGLFS CLLAIYSLW IVCIPYLLSI GLCVDILFLF VQHLLPHLLV TQPLFICGEP60  
IPCGLGEHVT RPGLLSPTAS 80

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

LKKGKWKAI HNRKCKWPRN MKRCSSSLIF KEKKEILPTR LAKIFKDSGL ADYRQTGILT60

NDGVVNW

67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

SPEVGQALGT AGSRASRKMT SELSSLSISA SIRVSPQTDS LHMAQIQAYM VLGSWDLHKA60  
FFPVVPAEVL LRAFLSLA 78

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

QAGKRALYKH TQTNTSGDGC VLLEQRLLKH SVCWLSVPLL ENNELGKEQL IRKCALLTVH 60  
ITTKSWQLLK EKGLCRCSN LSVNSCQQPQ RLPPQHTLIT CVCLA 105

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

10 LSLTSRMEEA ELVKGRQLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60  
 ISSGKEQEEM KKQNNQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120  
 RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180  
 AMEIKVEKDL RTGESTVLSS IPLPSDDFKR SRSKSL 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

35 FCFFISSCSF PLLIPSRSHF SLKAFFFKCW CFSLSSSIFR RFCEISSCIF LLSVMAWSLP 60  
 FTSSASSILE VKDSQTGKQV QSYHKSRSL GERSGGDRRE AGRNPLFAPV EK 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 339 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

SSQLRRRLVP APAAPR HGVLGRRLRG DRWQWSHWAK WAMLFAL QVKLYDIEQQ 60  
 QIRNALENIR KEMKLEQAG SLKGSLSVEE QLSLISGCPN IQEAVEGAMH IQECVPEDLE120  
 LKKKIFAQLD SIIDRVILS SSTSCLMPSK LFAGLVHVQK CIVAHPVNPP YYIPLVELVP180  
 HPETAPTTVD RTHALMKKIG QCPMRVQKEV AGFVLNRLQY AIISEAWRLV EEGIVSPSDL240  
 5 DLVMSEGLGM RYAFIGPLET MHLNAEGMLS YCDRYSEGIK HVLQTFGPIP EFSRATAEKV300  
 NQDMCMKVPD DPEHLAARRQ WRDECLMRLA KLKSQVQPQ 339

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- 10 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

25 KDPQITQKGI TKIITKIFCP HINMKTTITG CQILKCNQA EKEKVKISRL SAQVAGNRQP 60  
 RERKCCCAAR PRAMIQSDGQ TTGLHHPTQA AHKTASLGSP WAATYVTEG 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

- 30 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

LNIPSALRCM VSRGPMNAYR MPNPSDMTRS RSLGDTIPSS TSRQASLMIA YCRRFRTPKA60  
 TSFWTRMGHC PIFFIRAWVL STVVGA VSGW GTSSTSGM 98

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- 55 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

15

TMFFTCGPNE AMVVS GF CRS PPVMVAGGRV FVLPCIQQIQ RISLNTLT LN VKSEKVYTRH 60  
 GVPISVTGIA QVKLSEPFPH SPLPHHPLSQ TLRHLLATVF STLACREVPL LVSSFP GTPR120  
 HLPPPPFFP 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

40

DGDPMASVNL FTLDIEGQCV ERDPLDLLDA GQDKDTPSSH HDWGASAEPG DHHGLIWATS 60  
 EKHGSGWSEF DAGGSPAGVS GRAGSRRDLG AGQGPLADQL SWELAPSRVP HPAAPRCC 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

45

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

WPSGGPLTSP GQCGSQS SPATSDRRPP TSPCSAPGFL PVARVGVGKV WWGSHEVRGK 60  
 AEREGRALSE MLLPFQKKK GGGKCLGVPG KDTSRGTS L QARVEKTVAR RCLNVWERG 119

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
 15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

GRRTLFLATF GGYPGSLGCS LSGEANISLV SFFHPLNCKL RITQAHHSR LGLASQSTLC60  
 PACHCKELL LCQPKQRKYG FSCIIFPGW FVF 93  
 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
 35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH .  
 40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

NLIYPNSSMY SDTFSEKARI IGAVLSIKGK SSDHLHYNFL CLFSAGEEIH IYSTPHWTLQ60  
 45 NACIFCPSAI CSLPFCLLKE LSNIVFPKMF STGH 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 50 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GHHMHILDRF CTAQLEWVPV TWTGVQYTIC VQYRKPSAV ARELYSNSLS AQANQVRKTA60  
IWLEDFQETA VVVRGRYYLR GGRGTDIKQE GF 92

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

35 RGKRRRRHRLP ALPPRLLSPS AATMSASAVF ILDVKGKPLI SRNYKGDVAM SKIEHFMPLL 60  
VHGEEEGALA PLLSHGQVHF LWIKHSNLYL VATTSKNANA SLVYSFLYKT IEVFCEYFKE120  
LEESIRDNF VIVYELLDEL MDFGFPQTTD SKILQEYITQ QSNKLETGKS RVPPTVTNAV180  
SWRSEGIKYK KNEVFIDVIE SVNLLVNANG SVLLSEIVGT IKLKVFLSGM PELRLGLNDR240  
VLFELTGRSK NKSVELEDVK FHQCVRLSRF DNDRTISFIP PDGDFELMSY RLSTQVKPLI300  
WIESVIEKFS HSRVEIMVKA KGQFKKQSV NGVEISVPVP SDADSPRFKT SVGSAKYVPE360  
RNVVIWSIKS FPGGKEYLMR AHFGLPSVEK EEVEGRPPIG VKFEIPYFTV SGIQVRYMKI420  
IEKSGYQGPA LGFRYIHPEW AITNFRYQLG RGEEMGGF 458

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

45 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

5 LVTKVGNRPL WVNVAKPQGR ALVTTFNLNDL HVSDLDPRDG EVGDLKLDPD GGPALHLFLF 60  
HTGEAKVGSH QVLLAPRERL NTPNHDVSLR HILGAAHTGL ESGGVIAGY RHRYLHTVGH120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

10

(A) LÄNGE: 246 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

30 GISNLTPMGG RPSTSSFSTL GRPKWARIKY SLPPGKDIL QITTFLSGTY LALPTLVNL 60  
GESASLGTGT DISTPLATDC FLNCPLALTM ISTRLENWFS MTDSIQISGL TWVLRDYDMS120  
SKSPSGGMKE MVRSLSKRES RTHWWNFTSS SSTDLFLLRP VSSKSTRSLR PSRSSGIPDR180  
NTLSLMVPTI SLRRTLPLAL TSRLTDSMTS MKTSFFLYLI PSERQDTALV TVGGTRDLPV240  
SSLLLC 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

35

(A) LÄNGE: 275 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

50

55 MNTRLQVEHP VTEMITGTDL VEWQLRIAAG EKIPLSQEEI TLQGHAFEAR IYAEDPSNNF 60  
MPVAGPLVHL STPRADPSTR IETGVRQGD E VSVHYDPMIA KWVVAADRQ AALTKLRYSL120  
RQYNIVGLPT NIDFLLNLG HPEFEAGNVH TDFIPQHHKQ LLSRKAANK ESQCQAALGL180  
ILKEKAMTDT FTLQAHDQFS PFSSSSGRR L NISYTRNMTL KDGKNNVAIA VTYNHDGYS240  
MQIEDKTFQV LGNLYSEGDC TYLKCSVNGV ASKAK 275

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

SEVIILENTI YLFSKEGSIE IDIPVPKYLS SVSSQETQGG PLAPMTGTIE KVFVKAGDKV 60  
 KAGDSLMMVI AMKMEHTIKS PKDGTVKKVF YREGAQNRH TPLVEFEFEEEE SDKRESE 117

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SLRFTSNSIN RTFQVSAVSL AVKITKDLES FIFNLHAIRP IMVIRYSYGY IVFTIEFKSHV 60  
 SGIRDIQSSS TARRKWRELI MCLKSESVGH GFLLEDETQG CLA 103

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

ADKMFLPLP AAGRNVVRRLL AVRRFGSRSL STADMTKGLV LGIYSKEKED DVPQFTSAGE 60  
NFDKLLAGKL RETLNISGPP LKAGKTRTFY GLHQDFPSVV LVGLGKKAAG IDEQENWHEG120  
10 KENIRAAVAA GCRQIQDLEL SSVEVDPCGD AAAAAEGAVL GLYEYDDLKQ KKKMAVSAKL180  
YSGDQEAQW KGVLFASGQE LGHANLMGDA SQLRLTPTRF CRNYLRRFSK LVVS 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

15 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

30 LPILKIFSNN FGKIWLASIS IGWRLPSNWR AQVLAQKQTG LLSARPPDPH FHRALPTQPS 60  
SFFALGHRIH RDQAPLPPQQ PERLHRDPPP QTRAPGLESA CTPLOQQQL 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

35 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

CFLCLHASFP VRRFQLPFCR GQLAPRWGSP DADHKRFESS LPSEVVQICS KLSAFQLTI60  
YQNSLLHL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

- (A) LÄNGE: 6 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60  
 RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120  
 ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRS LELLVVDEAD180  
 LLFSLWL 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

25

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

40

DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60  
 RLPGARAGPS QEVLFP 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

45

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

TGLCNISLS ACTSSLKVAD MRKALLKSGG KVTRGRLLEL FFKAKGKKEG QLRPPPKAPG 60  
SHEVSGCLAA SGLICEMGSL LPHLASPSAQ LSERLSLQQL RHWPLGHPEH SR 112

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20  
(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

CHARLNTDSS RLAMKLLMVL MLAALLLHCY ADGCKLLED MVEKTINSOI SIPEYKELLQ 60  
EFIDSDAAAE AMGKFKQCFL NQSHRTLKNE GLMMHTVYDS IWCNMKSN 108

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

LVEETLLEFP HSLCSGITVY ELLKKLFVFR YRYVGIDGLF NHVLQEFAAR ICIAVQEEGR60  
QHEDHQQLHG EAAAVCVQSC VA 82

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 448:

RSRGFSCVQT PCHFREVTA CVISLWQQVG GLPQGRRWPE MCFRSLTHHS LHTRREHHSW60  
SILRMEI 67

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 449:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 449:

PITPYTHDVN TTPGAFSEWR FEFHVAASHT QTCHHSPHTH SRHSTAMSQK KFLVSDLKVL60

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 450:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 450:

RATSGRSGFI KPSNLKQGTG FGSWLLNVVS GCVGNDGREV CEKLPHQIQI SILRMLQEW60  
SRRVCRE 67

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

15

LLFILHQMLS YTVCIISPKF FRVLCDWLRK HCLNFIPIASA AASLSMNS

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

35

QAVGEKLSSR DSDLMEDRCF PHFSFSPKKV LLLSPFKQPV SLNFCGHGTD KDPVFS

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

40 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

IFVAMGQTRT PSSAELRKSP ATSLAIKLQP SHPTRASEEW PLLAGNPLQW AS

52

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

WPKMSQDFSL VQLKTGSLSV PWPQKFRLTG CLKGDRSRTF LGEKEKWGKQ RSSIRSESL60  
ESFSPTA 67

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

GSSWAEDFKC DISVPKTSLL FAQSCRSYF LLQYVPIYKF ISHTYNRAHV CTCTRTHTHS60  
LSTR 64

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 50 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

SGPLLPAKNR EVAGLKTLSV TFQFLKHHCY LLKVVGLCIS FSNTSPFISL FPIHTTVHMC60  
ARAHATHTH SQLV 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

15 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ARIQTPEQHS QVTFLDYNEE MKMGGYLKIG IPSALKVSKL LTCEQHRTPL LWSSFQLRML60  
QFSKSIYYS 69

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

40 (A) LÄNGE: 236 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

QLRGGVQRHD RREGEMVCVE LVASDKTNTF QGVIFQGSIR YEALKKVYDN RVSVAARMAQ 60

KMSFGFYKYS NMEFVRM QGKGHAEMAV SRVSTGDTAP CGTEED SPMHERVTSF120  
 SRPPTPERNN RPAFFSP RKVPRNRIAE MKKSHSANDS EEFFREDDG ADLHNATNLR180  
 SRSLSGTGRS LVGSWLKLNK ADGNFLLYAH LTYVTLP LHR ILTDILEVRQ KPILMT 236

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

25

DEEVALGQRQ RGVLPGGRRW SRSAQCQNPV VSVPVGHRTV PGRVLAEAEQ SRWKLPSLCT 60  
 LNLRHVAAAS DFNHRPGSSA EAHPPDLAAC GACAEPRPGP ALGVLP SAYL STATGVCDGT120  
 PVLEPQPGEA TRLPGP GPTA RTPAQTEVPL TGPAGAASAL C 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

- 30 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

50

VCIEKEVSIC SVQLQPGPDQ GPSCARQGPR PQVGCIVQIG STVVLPEELL AVVGRVRLH 60  
 LSDPVPGHLP LEGWGEEGRP VVPFWGGGSA EGGHPLVHGR SWAGVLFSPT GGCVTCRHS120  
 DRHLGVALAL GALHAHKLHV AVLVEAKRHL LCHAGGHAHP VVIHLLERLV ADGALKDDPL180  
 ERVGFVTSHQ LHTDHL SFPT VMSLNTSSKL SIMKKMLG 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 55 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

15 YPQDPPGGAS RRLDDLELC PGEKTAPVWA LSAEEEEAMH FSLAFFLHGS SVFLQITCCH 60  
EFLCMRHISS CLYAEVPFIL SIGWWTGERG PRCPTSCASA VGGDRAPRHG GGGHLPVWG120  
GRRHPGTEGS LQR 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

20 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

RLPSVPGCLR PPQTCGRCPP PPCLGARSPP TALAHDVGHL GPLSPVHQPI ERMKGTSAYR60  
HDEICLMHKN S 71

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

5 RGLQHTDMMK YASCIKIHDN MLFAKKQTNH AGKMPGKSAW QLPPQHSGPT QERFSPQDTA60  
 PSRPEASVMP LLAGPEGIRA PLLLTVDAAAT HSMQH 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- 10 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

25 QKKKMSFRKV NIIILVLAVA LFLVLHNNF LSLSSLLRNE VTDSGIVGPQ PIDFVPNALR 60  
 HAVDGRQEEI PVVIAASEDR LGGAIAAINS IQHNTRSNVI FYIVTLNNTA DHLRSWLNSD120  
 SLKSIRYKIV NFDPKLLEGK VKEDPDQGES MKPLTFARFY LPILGSQRQR KARLHGVDV180  
 30 ICGRWDFLPF TLQQ 194

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- 35 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

50 RFHGFPLVRI LLYFSFQKFR VKIDNFVSDA FQGITVEPGP EMVCCIVESN NVENHIGASV 60  
 VLNAVYSCNG PPKPVFRCSD DHRNLLLSPI YCMSESIWDK VYRLRPYNS 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- 55 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

15 NLAKVKGFMD SPWSGSSFTF PSKSLGSKLT ILYLMLFRES LLSQDRRSA VLLRVTM 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

20 (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

40 LPAATNRLKR GKGSSTGSSS GNHGGSGGGN GHKPGCEKPG NEARGSGKSG IQGFRGQGV 60  
 SNMREISKEG NRLGGSGDN YRGQSSWGS GGGDAVGGVN TVNSETSPGM FNFDTFWKNF120  
 KSKLGFIND AINKNQVPPP STRALLYFSR LWEDFKQNTF FLNWKAIEG ADASSLQKRA180  
 GRAESELQLQ PACVSHCLWW EVLSQDPCKG GESHLLPRLP GCNLGLLAVG 230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

45 (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

5

TRTRSRPPAP EPSSTSADSG RISNRTLLSS TGKQLLRVRT RHHCNVAE PSQNYNYNQH 60  
 AYPTAYGGKY SVKTPAKGGS LTFFLGFGA TWACLQLGEV LVRQFLATNH RRP RKHWVR120  
 QGKLLPPLGP PALWQAPGPG L 141

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

30

RVRTLNNCFP VEERSVLFEI LPESAEVEEG SGAGGRDLVL VYGIPVDETQ LGFKILPESV 60  
 KVKHPRRRLR VHSIDSTNSV TSSTAPARPL PPIIVSRASK EAIALFAYFP HVAGNSLSSE120  
 ALNPRFPAPA GFIPWLFTPG FMSISSAAPT VVAGGGAGAG SLPL 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

35

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

50

ERSHLQPGAV GITESPILGL GSAMTTEIGW WKLTFLRKKK STPKVLYEIP DTYAQTEGDA 60  
 EPPRPDAGGP NSDFNTRLEK IVDKSTKGKH VKVSNSGRFK EKKKVRATLA ENPNLFDDHE120  
 EGRSSK 126

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

YVLNTIIVGK GEEKIPHPLP RFGPCSFLPLR VCDLPSAKVM AKTGTRNPNY HQSSLLQHPN 60  
 RVPGSSVPSA PEGKVPGLL PVLGGELKFS VSASGSTETS PYHVASGKCA LLRIGPGSSH120  
 R 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TRVPLYVVRG RVEDPGISQA LQKWRHINTN LKNSHFLPAG INWPHSFSYG QRGQRGKVL60  
 QIWL MAGSQE VLAPSSALHF DDRPSS 86

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

45

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

10

GSGSPAPRKL HDFALCSAPL CPLFPRETSR SHIFLTDFEA VCLHSDWEHW DHFHHADSGG60  
NGCIPFHDPT CVY 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

15

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

30

FVAMCSKQAS LNHGLLGLTL VFLGPLNRHR SGHGKGYIHY HHCRHDENDP SVPNQANRQ 60  
LQNQSRKCGI WKSLLERGGR GELSRGRNRA VYAE LGTPSL RARGGR 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

35

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

VLRWYSSDPS IDTGRVMERD TSITTTVGMM KMIPVFPIRM QTDSFKISQE NVGSGSLSWK60  
EGAEGS 66

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

GCACFRPPSP AGGARTSAGR SPSSADVGSR TQSRSSRRRAA HSRCCVAFPS SETPRSRRRP 60  
 KRRRRRRREND PAASSLPPAH LPCSVSQSAA GARLVLRPRA CGAQAQRP 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

GAPAFALLLQ REGRGLPRGG VRLVLTAAE PKVDRGGGLH IPVVALRFLP LSLRAHGGGQ 60  
 SGGDGGGARTT RRPVLFLLRT CPARSVSRRP APGLCSDLAL AAPRPSGRS 109

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

IEAAGCTFPL LRCVSFLFHS ALTAATAKAAA TAARERPGGQ FSSSCAPALL GQSVGGRRPA 60  
CAQTSRLRRP GPAAVASVWP ENLGAPAARA PRAEPRSGSR GGRRVSESEG WPGQVVAPRR120  
WSPSKGSVWP TRSTARTSPS AATSPRPREM PPKRRRL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

SSAQGEPPGP GRLLRAPTE SRSEGKSMFA GVPTMRESSP KQYMLGGRV LLVLMFMTLL 60  
HFDASFFSIV QNIVGTALMI LVAIGFKTKL AALTLLVWLF AINVYFNAFW TIPVYKPMHD120  
FLKYDFEQTM SVIGLLLVV ALGPGGVSM D EKKKEW 156

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

LGACSWWWPW ALGVSPWMRR RRSNGSHRSL PAWLRPVAVK DWFGVDSTKL PAFMYPLPFP 60  
SLGKGTDVLR TLFAETPENR WLSLLWSHSL ASDPSVQASL AAGSLPHAEA LE 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

- (A) LÄNGE: Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

SQRVCKYSPG SLLPYPRILV RSSNGFRTWV LFSCDHSSAH CMKTGLSQCF NLTRAVSWST 60  
 PRSLLVPYDS PHQMTLAKSR FLCGQGWLAD WWKVGWTKGG HVSSQHQFCT SSASVLVGVP120  
 VSPGPGWARA 130

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

GTSGTSHLHP RSICMIQKYN HDGEAGRLEA FSQGESVLKE PKYQEELEDR LHFYVEECDY 60  
 LQGFQILCDL HDGFSGVGAK AAELLQDEYS GRGIITWGLL PGPYHRGEAQ RNIYRLNNTA120  
 FGLVHLTAHS SLVCPLSLGG SLGLRPEPPV SFPYLHYDAT LPFHCSAILA TALDVTVPY180  
 RLCSSPVMV HLADMLSFCG KKVVTAGAI I PFPLAPGQSL PDSLMQFGGA TPWTPLCACG240  
 EPSGTRCFAQ SVVLRGYRQS MPHQPQT 267

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

10 QVARVAGPGS HPRTRGRQES CEQSGARDQK LCLIDDRCF S GPPHDGRDQV AGPRLLFPAL 60  
NIHLVAALPP SRLPQRSHRA GHTGSGSPAS SHIPPRRNAA CPPALPGTWV PLGHFPLG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

15 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

30 LGKATCSRRL PTCTQWGPWG GSKLHQGIR KGLAWSQGER DDCSCCHHLF PTEAQHVSQM 60  
NHGNNWRGTQA IRNSDCVQGC SQDGTAVEGQ SGIIMQVREA DRWLGSQAQA PTQGQGADKR120  
AVSSQVHETK SCV 133

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

55 PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60  
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLED P ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120  
RHCH 124

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

- (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

GSSRRHGGGY AAVALLVLLL LGPGGWCLAE PPRDSLREEL VITPLPSGDV AATFQFRTRW 60  
 DSELQREGVS HYRLFPAKALG QLISKYSLRE LHLSFTQGFW RTRYWGPPFL QAPSGAELWV120  
 WFQDTVTDVD KSWKELSNVL SGIFCASLNF IDSTNTVTPT ASFKPLGLAN DTDHYFLRYA180  
 VLPREVVCTE NLTPWKLLP CSSKAGLSVL LKADRLFHTS YHSQAVHIRP VCRNARCTSI240  
 SWELRQTLNV VEDAFITGQG KKDWSLFRMF SRTLTEPCPL ASESRYVVDI TTYNQDNETL300  
 EVHPPPTTTY QDVILGTRKT YAIYDLLDTA MINNSRNLNI QLKWKRPEN EAPPVPFLHA360  
 QRYVSGYGLQ KGELSTLLYN THPYRAFPVL LLDTVPWYLR LLHPLPACPG PAATPPPDA420  
 DSAAGQ 426

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60  
 SSAPLSTSSST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTFECAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120  
 PRQASLCC 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

- (A) LÄNGE: 481 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

15

AQDTGGPGRQ SGHGGDLQIP ISLFLRRLNT QHWRPGSRKV MAVVPASLSG QDVGSFAYLT 60  
 IKDRIPQILT KVIDTLHRHK SEFFEKHGEE GVEAEKKAIS LLSKLRNELQ TDKPFIPLVE120  
 KFVDTDIWNQ YLEYQQSLN ESDGKSRWFY SPWLLVECYM YRRIHEAIIQ SPPIDYFDVF180  
 KESKEQNFYQ SQESIICALCT HLQQLIRTIE DLDENQLKDE FFKLLQISLW GNKCDLSLSG240  
 GESSSQNTNV LNSLEDLKPF ILLNDMEHLW SLLSNCKKTR EKASATRVYI VLDNSGFELV300  
 TDLILADFLS SSELATEVHF YGKTIPWFVS DTTIHDFNWL IEQVKHSNHK WMSKCGADWE360  
 EYIKMGKWVY HNHIFWTLPH EYCAMPQVAP DLYAELQKAH LILFKGDLNY RKLTGDRKWE420  
 FSVPFHQALN GFHPAPLCTI RTLKAEIQVG LQPGQGEQLL ASEPSWWTTG KYGIFQYDGP480  
 L 481

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

25

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FHISVSTNFS TKGINGLSVC NSFRNLERRE IAFFSASTPS SPCFSKNSLL CRCNVSITLV 60  
 KICGILSLIV RYANDPTSCP ERDAGTTAIT FRDPGRQCWV FNRRRNREIG ICKSPPCPDC120  
 RPPGPPVSC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

45

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

ELLNQVKGDH RTEIFHIFQW STSWAQRPGA VPLAQAADQP EFQLLMFLWY RVVQDGSSE60  
PDEMEQKTPI FCHLSTSCNS NHP 83

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

FYDRRDCFVA VSFLRGLSLW LHFYLWWLCY GGAEMRQKRK GDLSPAELMM LTIGDVIKQL 60  
IEAHEQGKDI DLNKVKTKTA AKYGLSAQPR LVDIIAAVPP QYRKVLMPEL KAKPIRTASG120  
IAVVAVMCKP HRCPHISFTG NICVYCPGGP DSDFEYSTQS YTGYEQPP 168

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

50

GGTAAMISTR RGWAERPYLE AVLVFTLFRS MSFPCSWASI SCLITSPIVS IISSAGLRSP60  
ERFCLISAPP 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

55

- (A) LÄNGE: 7 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

IDVFPLLVG F NQLFNNISYS QHHQLSRAEI SFPLLPHFCA AVAEPPEIKM QPQTQTTEKA60  
 DSHKTIPPVV K 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

KPRQLPNMAF LPSPAWWISL LAVPPQYRKV LMPKLKAKPI RTASGIAVVA VMCKPHRCPH 60  
 ISFTGNICVY CPGWDLILIL SIPPSTLGY EPTSMRSYSV PDMDFFPYRT RTPD 114

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

5 WVSPLTWASR PCDTEEGRQA MISTRRGWAE RPYLA AVLVF TLFRSMSFPC SWASISCLIT 60  
 SPIVSISSA GLRSPDYGGF TTRPGSNILG SRVGHYTHQT MEDSPPDQEA TAWAPELATP120  
 PCTDEDR 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

10

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PHTTNPTCFK LFLIRCPCPV RKRVIWHGI APHGGWLIAQ CKTGWNTQNQ NQVPPRAVYT60  
 YISCKTDVWT SVGFAHSHD SNPTSSSDGF RL 92

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

DLSRPGGTRF VLTIQQTFFS KVFVQDNFKN NIKINNGFDF SLKIEKKGVG GGVNHWPF60  
 WRGPIGIVRP WSGSL 76

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

15 RTFVLFYHRL TLQLLINTSF GDVWCKTHKH TQKSTSPLHD PSLLSGTISA ASCTLLGPPP60  
IHRGFRGTQI TAGFQFFFNN TFLWSVPTAL SVLLKLE 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

35 ILHLEMYGVK HTNTHKKAQA RCMTRLSFLG LFLLRPAPSW AHLRFTEVSG GPKSLLVFNF60  
FLTIHFCEGQF QQHCPYF 77

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 26 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

ILIDGVRAAF IPYREYNGAR LSRDFISA

28

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

(A) LÄNGE: 26 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

HQFHNRYFNLL GFTHLIILKF HQQWGTEK

28

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

APGPQAILII NLNRWGKSL HPIQRIQWC

29

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

10 AEIKSLLSLA PLYSLYGMKA ALTPSIKIYY

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

30 AMKVLSFLLC IRISFLFVVE SIVRGISKLN EVN

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

50 AINKVSSGYG PLALLGFSVS VEAAQRISLN FSQKWLLT

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

15 FTSFNLLIPR TILSTTNRNE ILIHKRKLKT FIAYVGLSNK 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

35 VNLLKYGQIH LAVKQLNIHC YLIKVFVSVL PGPNIKTTSV QKINVQRAVC SLFWYVHFKK60  
TPLSSLANQE Y 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

RFYLYFILSR GTNSRHTFAR PSCRKTQSRK GKNKIAIKYM VLGAGRTRNP QGDQFLARSF60  
FRVYPVE 67

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

KNLEFFSPST SYLLLLQNSSE GFYIYILSYPE GPTAGIPLPG LLAERHRAVK AKIKLQ 56

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

TPNSRGAGRV VRGSARGVGR SCASWLPVGR RCRTSETGSG ASRRSRAIGS PPPSPCPWSA 60  
NSASSARPTS SSGPKPSFIA FRFGGQSLPP FISLWVQELD FFIWSIYISY ISILRDLKQE120  
LLMGGQQTIIY SCSSLTGFAS 140

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 279 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

QSRSRPRREG VGTGSRAVLC ILATCGSKMS DIGDWFRSIP AITRYWFAAT VAVPLVGKLG 60  
 LISPAYLFLW PEAFLYRFQI WRPITATFYF PVGPGTGFLY LVNLYFLYQY STRLETGAFD120  
 GRPADYLFML LFNWICIVIT GLAMDMQLLM IPLIMSVLYV WAQLNRDMIV SEWFGTREKA180  
 15 CYLPWVILGF NYIIGGSVIN ELIGNLVGHL YFFLMFRYPM DLGGRNFLST PQFLYRWLPS240  
 RRGVSGFEGV PPASMRRAAD QNGGGGRHNW GQGFR LGDQ 279

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

20

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

IDQIKKSSSW THREIKGGSD WPPNLKAIKE GFGPEEEVGR ADEAEFADQG HGDGGGEPIA 60  
 RDRRDAPEPV SDVRHLRPTG SQDAQDRPTP RADPLTTRPA PRL LGV 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

40

(A) LÄNGE: 207 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

LEPLEPNRLE LKKGYLTLSD SGDKVAVEWD KDHGVLLESHL AEKGRGMELS DLIVFNGKLY 60  
 5 SVDDRTGVVY QIEGSKAVPW VILSDGDGTV EKGFKAEWLA VKDERLYVGG LGKEWTTTGT120  
 DVVNENPEWV KVVGYKGSVD HENWVSNYNA LRAAAGIQPP GNLIHESACW SDTLQRWFFL180  
 PRRASQERYE EGRRAQGRQ PAAERLP 207

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- 10 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

25 RWWATRAAWT TRTGCPTTTP CGLLPASSRQ VTSSMSLPAG VTRCSAGSSC RAAPARSATA 60  
 RKDDERKGAN LLLSASPDEG DIAVSHVGAV VPTHGFSSEK FIPNTDDQII VALKSEEDSG120  
 RVASYIMAFD LDGRFLLPET KIGSVKYEI EPI 153

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 35 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

50 VGTAPTWTLT AMSPKSGEAL SSRLAPLRSS SFLAVALLAG AARQEEPALQ RVTPAGRLMD 60  
 EVTWRLDAGS SPQGVVVGHP VLVVHAALVA HHLHPLRVLV HHITRSGRPL LAQAAHVQTL120  
 VLHCQPFGLA AFLHGAVAVG QNHPPGHGFAA FDLVDDPRPV IHGVEFPIEN NQVG 174

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 55 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

KLVCLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60  
 S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

NTMAVAARKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60  
 VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120  
 40 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

- 45 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60  
RSFLKVFNEFF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120  
YVAIIVIW 128

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

(A) LÄNGE: 467 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

30 SRSKMAALRA LCGFRGVAAQ VLRPGAGVRL PIQPSRGVRQ WQPDVEWAQQ FGGAVMYPK 60  
ETAHWKPPPW NDVDPPKDTI VKNITLNEGP QHPAAHGVLR LVMELSGEMV RKCDPHIGLL120  
HRGTEKLIEY KTYLQALPYF DRLDYVSMC NEQAYSLAVE KLLNIRPPPR AQWIRVLFGE180  
ITRLNHHIMA VTTHÄLDLGA MTPFFWLFEE REKMFEFYER VSGARMHAAY IRPGGVHQDL240  
PLGLMDDIYQ FSKNFSRLD ELEELLTNNR IWRNRTIDIG VVTAEALNY GFSGVMLRGS300  
GIQWDLRKTQ PYDVYDQVEF DVPVGSRGDC YDRYLCRVEE MRQ\$LRIIAQ CLNKMPPGEI360  
35 KVDDAKVSPP KRAEMKTSME SLIHHFKLYT EGYQVPPGAT YTAIEAPKGE FGVYLVSDGS420  
SRPYRCKIKA PGFAHLAGLD KMSKGHMLAD VVAIIGTQDI VFGEVDR 467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

55

QPSVHEHTHT HTHTA ...QR PISSEEQAPQ KKLIGRGDQT LLPD ...FS KYNILGTYDG 60  
 NDICQHVSLR HLVQTSQMGK TRSLDLASIR AAAAIRHQVH PKLSLGSNG SICGSRNLV120  
 ALSIQLKVMN Q 131

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
 15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

SQDTMRCWVL GPKVQGNVLH NCVLWRVHII PRWRLPVGCF FAWVHNSSPK LLCPFHIWLP 60  
 LPNTSAGLNR QSDSSPRPQH LGRDAPEAAQ SPQRRHLTPA 100

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
 35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

RRLRGGEPST DRRRDPEST PAPPPTPRAM DPKDRKKIQF SVPAPPSQLD PRQVEMIRRR 60  
 45 RPTPAMLFRL SEHSSPEEEA SPHQRASGEG HHLKSKRPNP CAYTPPSLKA VQRIAESHLQ120  
 SISNLNENQA SEEDELGEL RELGYPREED EEEEEDAARL KS 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

10 VSLGRNLSAL PPLSLAHRHP ACISQEEVEG TSLFPRNPLY PHPVLCSSPR LLGLRLLTSR 60  
RLRLVCVCLF AHLWLIPREP GHLLPDAHPC QSFLHSPSGR WDVROPTLEN PENREQGFAL120  
HNSTPQILSP GHRRPTGQDP KIWGKEVLRT LRYF 154

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

35 AQGLGLFDLR WCPSPEALWW GEASSSGEEC SESRNSMAGV GLLRRIISTW RGSSWLGGAG 60  
TENWIFLRSL GSMARGVGGG AGVRDSGSRR RSVLGSPRR R 101

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

SDRWTCSPPL GARSMSRFPV VAGRAPRRQE EGRSRDLQE ERLSAVCIAD REEKGCTSQE 60

GGTPTFPFIQ KQRKA AV RDNSFLIVTG NTGSGKTTQL PKYL SFS QHGMIGVTQP120  
 RKVAAISVAQ RVAEEMKCTL GSKVGYQVRF DDCSSKETAI KY 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

5

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

QIGGRARLHS GPGLCPGFPO SRAGRQGGRR RVSGQETSRK SGSRLFASPI EKRKDARPRR60  
 EELLQLFLFR NKEKRLFKL 79

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

IGKVGVVPPS WDVHPFSSLS AMQTAESRSS WRSLDRSPSS CRLGALPATA GNRDIDLAPS60  
 GGEHVHRSE 69

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(ii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

10 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAIFYQK120  
GENSCLSLFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

30 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKHFL60  
35 KRKGMSFFLF DKKQPVMSKG AQERWVSHLE AFRTQL 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

50 TCEPFRNPQV GKDP TPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
55 RDL L L L L L ARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFP S 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

IRKREQGRSS PAPWESVFAS VPFRGDDGIF DDNFIEERKQ GLEQFINKVA GHPLAQNERC60  
LHMFLQDEII DKSYPFSKIR HA 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

RASPCPHGGQ QRRRRRLNAE GAEGARGGGS SYSEMAETVA DTRRLITKPQ NLNDAYGPPS 60  
NFLEIDVSNP QTVGVGRGRF TTYEIRVKTN LPIFKLKEST VRRRYSDFEW LRSELERESK120  
VVVPPLPGKA FLRQFLLEEM MEYLMTILLR KENKGWSSL 159

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

OTHETISCH: ja

5     HERKUNFT:  
      ) ORGANISMUS: MENSCH

10     SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

PFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60  
LRLGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPPLPAVGT RARA 114

15     INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

(A) LÄNGE: 374 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
      (A) ORGANISMUS: MENSCH

30     (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

35     RRAQESPIGR QSHLPRIYQA FLMSATFNED VQALKELILH NPVTCLKQES QLPGPDQLQQ 60  
FQVVCETEED KFLLLYALLK LSLIRGKSL FVNTLERSYR LRLFLEQFSI PTCVLNGELP120  
LRSRCHIIJQ FNQGFYDCVI ATDAEVLGAP VKGKRRGRGP KGDKASDPEA GVARGIDFHH180  
VSAVLNFDLP PTPEAYIHRA GRTARANNPG IVLTFVLPTE QFHLGKIEEL LSGENRGPI1240  
LPYQFRMEEI EGFYRCRDA MRSVTKQAIR EARLKEIKEE LLHSEKLKTY FEDNPRDLQL300  
LRHDLPLHPA VVKPHLGHPV DYLVPPALRG LVRPHKKRKK LSSSCRKAKR AKSQNPLRSF360  
KHKGKKFRPT AKPS 374

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

45     (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50     (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
      (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

5 QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60  
 RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120  
 ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180  
 LLFSFGFEEE LKSLLEWGRV TCPGFTRLFS CQLLLTRTYK HSRS 224

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

10

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

FFFFFFFFFG AAKIFILLSR GKMPAWKCQG AKGPSTAGPR TVCSGCAVST RASPVHEGCK 60  
 PVLHNVLSSR EAQQPQEGLA VGLNFFPLCL KLRSGFDFA LLAFLQEEDS FFRFL 115

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

YLQCQRSLCG AKCVTWAVET RHLLSPALMT LRKEDVIQ GK FLIPKLPVHV NRTSFYSSRC60  
 TGSLAP 66

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

15 FRSCLFMLTG LLFIRQDVLV PWHLKGNPDK GKPVEPFGPI GSQDPSPVFH RYYHVFREGE60  
LEGACRTVSD VRILQSYDQ GNWCVILQKA 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

35 SGLLKNHTPV SLIVVALQNS DITHSPAGTF QFSLTEHVV TMKHRTWVLG SYGTKWLNRF60  
AFIRISLKVP GNQYILTNNK KSC 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

40 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ERRSKSREER EKEREREREE RERKRRREEE EREKERARDR ERRKRRRSRS RHSSRTSDRR 60  
 CSRSRDHKRS RSRERRRSRS RDRRRSRSHD RSEKHRRSRS RDRRRSKSRD RKSYPKRSKS120  
 RDREQDRKSK EKEKRGSDDK KSSVKSGSRE KQSEDNTES KESDTKNEVN GTSEDIKSEG180  
 DTQSN 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

YHFPSIQCLC LHS AFLDYRT SHYFFYHQIP SFLSPWIFYL VLCPDFCSCA YMTFDPGFLI 60  
 FFDPDFEICV FFLIDHGFCF FVDLYFCSAF FLYFVTFCCP ETCCIFCLMF GLSVYFVNDF120  
 SFFFLCHEPF LFLFLPLPFV FSFLFLPFLS PVLSSLCS CFSFLRRSSR IRLFGSSP 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VSPSOLMSSL VPLTSFLVSL SFDSVFVSSL CFSRLPDFTL LFLSSDPLFS FSLDFLSCSL 60  
 SRLLLCLYD FRSRLFDLLR SRLRDLCLFS DRSWLLLLRR SLLLLRLLSL LRDLLWSRDL120  
 LHLLSDVRLE CLLRERLLFL LSLSRALSFS LSSSLRLFL SLSSLSLRS FSLSSLLLLL180  
 LS 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

GFGMQLVILR VTIFLPWCFA VPVPPAADHK GWDFVEGYFH QFFLTEKESP LLTQETQTQL60  
 LQQFHRNGTD LLDQMOMHASA TAAPLWGA 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

PRRSRHS LPR RHKHSSCNNS IGMGQTYLTC RCMLLLQQPH CGVPDGS DNC ISPGRCKWIK60  
 H 61

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

5

STCIFLARCS CRTHQAPHSG AAVAEACICM SSRVPERWN CCRSCVCVSW VRSGDSFSVR60  
KN 62

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

30

VCPIPMELLQ ELCLCLLGKE WRLLLGQEKL MEIALNKVPS FMVCSRGHWN GETPGQEDSN60  
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

50

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60  
EEQ 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

55

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

15

KGWRSDFTVG GRQRDQGHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60  
 RGSRS 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

40

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60  
 AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120  
 LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGFLNAIR180  
 GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDEPY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240  
 KKAYDYFQA 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

- 45 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

ITGVQPEHIQ YLKNYFHLWT RQLAHYHYH IHGPKGNEIR TSKEVEPFNN IDIEISMFEK60  
GKVPKIV 67

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

30

RIFITTIFMA QKEMKYEHQK KLNLSLIL KFLCLKKGRY LRLS 44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

50

KVQLLLMFVF HFLLGHEYSS DKYALTVVSK GGNFSSSTVC VLVVPL 46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

(A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: ( ) el  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

15 GRWRRRLRHG RGSAAVGP AMAELLQEEL SVLAAIFCRP HEWEVLSRSE TDGTVFRIHT 60  
KAEGFMDADI PLELVFHLVP NYPSCLPGIS INSEQLTRAQ CVTVKEKLE QAESLLSEPM120  
VHELVLWIIQ NLRHILSQPE TGSSEKCTF STSTMDDGL WITLLHLDHM RAKTKYVKIV180  
EKWASDLRLT GRLMFMGKII LDFTTGRQKQ PQGVLDSSSEN LQSRCGLKWK EMQREND 237

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

40

YLILLQGDRN NLKVYLILQK TSKVDVDSSG KCKEKMISV LFETKVQTEH KRFLAFEVKE60  
YSALDELQKE FETAGLKKLF SEFVLALVK 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

45

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

PLPKSNAKTT KNTAILLKDS CLPFHFTRAS TNSEKSFSLP AVSNSFCNSS NAEYSLTSNA60  
RNLLCSVCTF VSNSTLIIFS LHFFPLESTS TLEVF 95

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

RAGLFPGRRV GLEAENGPCQ HQHGDFVPCP VLSARMSQPE AEEAALVAHA VGHDCVCSGG60  
GVLLPHHRRN NL 72

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

50

GRACFRGGAW GLRPRTALAA TNMETLYRVP FLVLECPNLK LKKPPWLHMP SAMTVYALVV 60  
VSYFLITGGI IYDVIVEPPS VGSMTDEHGH QRPVAFLAYR VNGQYIMEGL ASSFLFTMGG120  
LGFILDRSN APNIPKLNRF LLLFIGFVCV LLSFFMARVF MRMKLPGYLM G 171

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

EAGCKSFHNI LSIYSVGQES YWPLMPMFIS HRTDTWRFNN NIINYSSGDE EVRHHHQSIH60  
 SHGRRHVQPG RLLQLQVGTF EH 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

HKVIVVWNNI GEKAPDELWN SLGPHPIPVI FKQQTANRMR NRLQVFPELE TNAVLMVDDD 60  
 TLISTPDLVF AFSVWQQFPD QIVGICFLES TSFTFIQGIY SYW 103

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

5

ESKNKVGAD ECVIIYHQC IGQFRKDLE SISHPVCCLL FEDHRDRVGP

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

10

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

25

SGNCCQTEKA KTRSGVLMSV SSSTINTALV SSSGKTWSRF LILFAVCCLK ITGIGWGP60  
FHNSSGAFSP ILFHTTITL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

30

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

45

GTLRHSVHV PPKHGHKVL SSGVCSRLLG IQREGRNQE QKHIHVATPA TSGILCSDKL60  
HGWEVFFLAR 70

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

15 HLIPFMAKSS FRVGNTQTFC ACCSPKAWSS QSPEFWCVLP PPGYTERRQE SGVPEAYTCG60  
YPSNKRHPVL R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

35 SGQCGMQLGP DQPSSEQMAV VPISTKQPRA RKNTSQPCSL SEHRMPLVAG VATCICFWNS60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

40 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

GLPARRPQCF LRAELMANSGL QLLGFSMALL GWVGLVACTA IPQWQMSSYA GDNIITAQAM 60  
 YKGLWMDCVT QSTGMMSCMK YDSVLALSAA LQATRALMVV SLVLGFLAMF VATMGMKCTR120  
 CGGDDKVKA RIAMGGGIIF IVAGLAALVA CSWYGHQIVT DFYNPLIPTN IKYEFGPAIF180  
 IGWAGSALVI LGGALLSCSC PGNESKAGYR APRSYPKSNS SKEYV 225

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

25

QHHHGPGHVQ GAVDGLRHAE HGDELQNVN LGARPVRGLA GHSSPNGGLP GAGLPGHVCG 60  
 HDGHEVHALW GRRQSEEGPY SHGWRHNEHR GRSCRLGSL L LVWPSDCHRL L 111

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

45

CCHPHRSSSA TAGWRCRPPD PPSPAGPWRS PATAGPNWPF PPSNTGGAG RGDPTVKQTT 60  
 LGGQPHKRKL EVEFSGHPKR QKGFGPGECK SCHQTTHKST PPVKRWPRGT GSRIRREGGS120  
 RQNWWSPKAR RFPFGALGDP LSPPASRLLT GVGP 154

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

50

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

NLTQVTFLFF CPPNVHASYSR LHFEALMNIP VLVLDVNDDF AEEVTKQEDL MREVGRTLTP60  
VFLVVSLWLY LL 72

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

35

SPSHLSHEVF LFGYFLSKII IDIQHQHWNV HQSLKVEPIR SVNWVGTEKK KCNLSQVSHT60  
RQVLLREQI 69

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

- 5 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

SCWETKWTSC PRMLLATGRG CGSDCGRTVP APGSCWPLAP RATAPRQGRA TGRGESESAE 60  
LVPHSGQGRA ADQRQDLWS GRVDLCPSAL LALPWGRLLS GRHQRRQIHS L 111

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

- 30 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

TRNGSVFGCY RPHRFAGKS VSLVYSRGFQ HPPCAYHLLG QGRRSVSEAC RSYVTPDSNG 60  
WKRTNGQDFL LLLLKTLMVK RKDWGQPGSS GPTSKFPLQV ILCQALFKK 109

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

- 50 (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH

## (vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

10 GPARRPAARL ARAGGPQAAD RAGKQSGPPA PGCSWLPAEA AGATVGGLCP RRAPAGPWHQ 60  
 GPQRPVKDEP QDGENPNPNP WSRTVVVRDVR LISAKTGYGV EELISALQRS WRYRGDVYLV120  
 GATNAGKSTL FNTLLESDYC TAKGSEAIR ATISPWPGETT LNLLKFPICN PTPYRMFKRH180  
 QRLKKDSTQA EEDLSESEQN QLNVLKKHGY VVGRVGRFTL YSEEQKNIP FEFDADSLAF240  
 DMENDPVMGT HKSTKQVELT AQDVKDAHWF YDTPGITKEN CILNLLTEKE VNIVLPTQSI300  
 15 VPRTEVLKPG MVLFLGAIGR IDFLQGNQSA WFTVVASNIL PVHITSLDRA DALYQKHAGH360  
 TLLQIPMGKK ERMGRISSSC C 381

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

20

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

30

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

QPSTTCTSVL VCLLSAMPLP VALQTRLAKR GILKHLEPEP EEEIIAEDYD DDPVDYEATR 60  
 LEGLPSPWYK VFDPSGLPY YWNADTDLVS WLSHPDPSV VTKSAKKLRS SNADAEKLD120  
 RSHDKSDRGH DKSDRSHEKL DRGHDKSDRG HDKSDRDRER GYDKSRNGIR DRGYDQADRE180  
 EG 182.

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

45

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

55

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

5

RRHERDGRCD SLPLPARVYW SVCYQLCRCP LRCRPAWPRE ASSNIWSLNQ RKRSLPRTMT 60  
MILWTTTRPPG WRAYHQAGTR CSTLPAGSLT TGMQTQTLYP GSPHMTPTPW LPNRPSSSEA120  
VMQMLKKSWT GAMTSRTGAM TSRTAAMRN 149

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

PRSRSLSDLS WPRSDLSWPL SSFSWLRSOL SWPLSDLSWL RSNFSSASAL LLLSFLADLV60  
TTELGSCGES QDTRSVSAFQ 80

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

50 VAQQPALIHG YRKAVLTPNH VEFSLRYDAV LRGPMSDDSD HGSVLRLSQA LGNVTVVQKG 60  
ERDILSNGQQ VLVCSQEGSS RRCGGQGDLL SGSLGVLVHW ALLAGPQKTN GSSPLLVAAF120  
GACSLTRQCN HQAFQKHGRS TTTSDMIAEV GAAFSKLFET 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

55

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

ILNGNQFMLK LKIWQAPYAF STRVGPDFPI THTLSPVQGA CLLLVCAGSG FKELAEGGPH 60  
 LGDHSVGGGG ATVLLEGLVV ALPGERAGAK RGHQERAGPI CFLWSSKERP VYQDAQGARQ120  
 EVPLPSTPAA AAFLAAHKHL LAVGEDVALS FLDHRHVAQG LAES 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

40 KSGKHRTPSA HAWVRIFFSH TRSPPSKVPV YFWSARAQVS KSLLKAAPTS AIMSEVVVER 60  
 PCFWKAWWLH CLVREQAPNA ATRRGLDPFV FCGPARSAQC TRTPREPDRR SPCPPHLRLL120  
 PSLWHTSTCW PLERMSRSPF WTTVTLPRAW LSLSTDPWLS SLSIGPLSTA SYSLLNSTWL180  
 GVSTAFR 187

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

LFLFTNHNDS GKPGCKHQHC HQLRICDQEC HLTVTGRRQK

40

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

QAEDKSETGL MRITGKLALA PPENELFHSL ADHP

34

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

50

NSSFSGGAKA SFPVIRISPV SLLSSACYRE MALLITDP

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

(A) LÄNGE: 183 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

RQLFGIVSIA TLTVLAYERY IRVVHARVIN FSWAWRAITY IWLYSLAWAG APLLGWNRYI 60  
 LDVHGLGCTV DWKSKDANDS SFVLFLFLGC LVVPLGVIAH CYGHILYFHS NASLVWKIFR120  
 QFK 123

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

TVHSRGPCQS DQFFLGLEGH YLHLALLTGV GRSTSPGMEQ VHPGRTRTRL HCGLEIQGCQ 60  
 RFLLC AFLIS WLP GGAPGCH SPLLPYSIF PFECFVGVED LQTIQVIKIL KYEKKLAKMC120  
 F 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

45 (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

HPGAPPGSQE IRKAQRRNRW HPWISSPQCS LVRVRPGCTC SIPGEVLLPT PVSRARCR 58

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

AFTCDFVPLC GLLEQWTTKS AMQFIKVDLV ICHPTAYGPC KPVLEANIL

49

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45


(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

ECTTLWPSGA MDNQVSYAVH KSGPGYMSSN SIWSLQACFG SQYSITYRNP LESDVFGSNI60  
FSQGSNGL 68

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG:   
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

15

HITRSTFMNC IADLVVHCSR RPQSGTKSQV KAQTAPVILV VLSLHSSPLA KTGLNMKSPA60  
 PRPQ 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

35

APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60  
 VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120  
 TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PLIS 144

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

(A) LÄNGE: 254 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

5 YEIQSLPFPS FSSAKLSLLW HSVPFTQMTM PSVQNGGECL RAYVSVTLEQ VAQWHDEQGH 60  
 NGLWYVMQVV SQLLDPRTE FTAAFVGRV STLISKAGRE LGENLDQILR AILSKMQQAE120  
 TLSVMQSLIM VFAHLVHTQL EPLLEFLCSL PGPTGKPALE FVMAEWTSRQ HLFYGGYEGK180  
 VSSVALCKLL QHGINADDER LQDIRVKGEE IYSMDEGIRT RSKSAKNPER WTNIPLLVKI240  
 LKLIINELSN VMGG 254

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

SLSGPNANEA DSHSGQHNAG PSRQDSCRAL CDTIDILTTV VRNTKPPLSQ LLICQAFPAV60  
 AQCTLHTDDN AISAEWRRVL AGLCVSDPGT SSPVA 95

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3821:

- 35 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

50 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMTLCI 60  
 VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLLP120  
 TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PIDILTTVVR NTKPPLSLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180  
 MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTEFT AAFVGRLCFH240  
 PHLQGRAGRTR GESRPDFFVP SFS 263

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- 5 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

TLRCGGPGAG SPLASHTTVH CGPAHHATGL LVPGLTHRP ASTLRHSAWW HCHLCEGYTV60  
PQQGKLGR 68

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- 25 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

40 HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGRL CISYYCCQDI NGCRTKPCRN60  
LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ 97

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

- 45 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

TRSSSPQTIT FDACVVI PCG DLQSQKQLSD SEKYLCPFKI KGSPYQDPCS LTNAGKQVCH 60  
SWNEVVWTTT YQGWTSSSTGG CMSLKPYIHF TKESTPHNCQ YNQCNPVQIS ILIPTSTDPK120  
10 PTLSCGIWHG SRNSRGTSYW 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

15 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

30 DVPELLFRLPC HIPQLKVGLG SVEVGMRIEI CTGLHWLYWQ LWGVLSLVK 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

35 (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

50 SECMVLRTYN HRLTRSSLDI QLSTPPHSSY GRPVFLHSLR NKGLDRGSL S 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

15 SSSPLSFCWF LPSPAASCSS SCPSPGMTSWS RSGPSISGFS WLTDRAACTC GVWPSSPAPP60  
KPLPPTGLSS TPAPGLAPAA ACPSEAPINT DLMVPFP 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

GKGTMRSVLI GASEGQAAAG ARPGAGVEDR PVGGRGFSGA GELGQTPQVQ AALSVSQENP 60  
EMEGPERDQL VIPDGQEEQ EAAGEGRNQQ KLRGEDDYNM DENEAESETD KQAALAGNDR120  
NIDVFNVEDQ KRDTINLLDQ REKRNHTL 148

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

5 GPRDRLIQPS YFQRGKWGLE VTEHLAGALA PLASHRLPSS WDYRHTVTEA GPVCNSRCHL60  
QLKHSSYVMS LVTKVKLSHP EKAT 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 391:

- 10 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

25 CGKKCITLFL FLSPSLPLWC LRYWGSHSWG HSEATRNAS LHLAVSARTR NPQTSSQTS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 392:

- 30 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

45 TPRNLNFHFSK LTQFHCVENTV SLGSTKHPIT QFCFIVWTPS RLQGHGQEV CEEVCGFLVL 60  
ALTARCKLEA FLVASEWPQL WDPQYLRHHR GREGDRNRNR VMHFFPH 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 393:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

VAPAVGSPVS QAPQRQRGGQ EQKQSYAFLS TLKKRNYTFR GMLSPRSTSS PVFHDLPKK60  
I 61

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 394:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

CNCAPSLPDF SPLHPQCGIS LVPRGTPLDL WTSRPGQEA TRNPRPLLLK FTASVVVPDS60  
SPAPGTTSTW GGAF 74

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 395:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

ATVHPACQIF PHYTP...AYP WSPEAHP LIC GPPGLDKRLL PETPL...SN SQPVWLCLTP 60  
 RQPLEPHPPG EGPSEWSSDT AEGRPCPYPH CQVLSAQPGS EEELEELCEQ AV 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

5

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

LCAKLGPQHI WSTLLVGTSP EHLLTQPVHTA PRVPPLSQAG PTAPGSADKG MACPLRCQNS 60  
 IQKAPPQVDV VPGAGEESGT TTLAVNLSNR GLGFLVAASC PGLEVHRSRG VPLGTKDMPH120  
 WGCNGEKSGK LGAQL 135

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

DRRSHGLLLY NLPGEQFKNM NQDPFDPLII QKSTQKYAQK YVGIH

45

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 397:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

ERLSHCRLV MLALISLCTP CTHAFSPVFY QASVSCITLK CDH

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 398:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

WIKRILIHIF KLLSREVVKQ QSMRASISLP LLGDACPHLP MYPMHSCLLS CFLSSLSFMY60  
YTKM 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 399:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNLSITL60  
AYCYYYISSI YRQKGHF 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 400:

- 5 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 401:

- 25 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

40 FRNPALIEPS VGSTAEIFRA FNILKMAFLS IYRGNIIVTV CKSDTQNV

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 402:

- 45 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

5

EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60  
ENGSPGSDSW 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 403:

10

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

MCDFIRGICQ FSHCGSFSD F ACSSESKEARS FADFETPQTC KFLTSSKLAL ALSSTFPFKS60  
NLC 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 404:

35

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

50

MGITHECVIL LGASANSITV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWLFLQ60  
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 405:

55

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

15 LGDHIYNWDV NHFFSGIRAQ RHNLQGHIIY YEHFTVRLFI LPSTCAEMKP KQAVGFHKSI60  
YVG 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 406:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60  
ESFRLHKKYV LTCPMLGNR KIIVIDKT 88

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 407:

- (A) LÄNGE: 269 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

5 LTVVYTVFYA LLFVEIYVQL WLVLRYRHKR LSYQSVFLFL CLFWASRRTV LFSFYFKDFV 60  
 AANSLSPFVF WLLYCFPVCL QFFTLLTMNL YFTQVIFKAK SKYSPPELLKY RLPLYLASLF120  
 ISLVFLLVNL TCAVLVKTGN WERKVIVSVR VAINDTLFLV CAVSLICLY KISKMSLANI180  
 YLESGSSVC QVTAIGVTVI LLYTSRACYN LFILSFSQNK SVHSFDYDWY NVSDQADLKN240  
 QLGDAGYVLF GVVLFVWELL PTTLVVYFFR VRNPTKDLTN PGMVPSHGFS PQILFL 296

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 408:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

20 HRRHLRVLRA ALRVHLRAAL AGAALPPQAA QLPERLPLSL PLLGLPADRP LLLLLQRLRG 60  
 QQFAQPLRLL AALLPCVPA VFHPHADELV LHAGDFQSQV KIFSRITQIP VAPLPGLPLH120  
 30 QPCFPVGEFN LCCAGKDGKL GEEGYRLCAS GH 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 409:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

50 LGFENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPPGGPEEA 60  
 EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 410:

55 (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

15  
 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60  
 VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLLP120  
 TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT AIDILTTVVR NTKPPLSOLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180  
 MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTEFT AAFVGAFVST240  
 LISKAGRELG ENLDQISSCH PSVKMAGG 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 411:

25 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

40  
 HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGRLL CISYYCCQDI NGCRTKPCRN60  
 LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 412:

45 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

PPAILTEGWH EEIWSRFSPS SRPALEMRVE TKAPTKAAVN SEVRGSRSWL TTCITYHSPL60  
WPCSSCHWAT CSRVTDT 77

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 413:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

IGFASIPPRI SGSPSILLAF YPHPPSPKLG PVLLCARETP KFRRKSIFYR GGFILDQKNK60  
KN 62

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 414:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

DLIYNYCYCP SDLSFSAIDV IAISRSSHNV FNPALILMLR MEFLTSSLKE PQPPNTYTYT60  
SRIAK 65

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 415:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

LDLSPFHHVF PDPHPSEWLF TRIRHLRSWG QCYVPGKPR NLGENQYFTG EDSSLTKKIK60  
 KIKNTKKFMF LYCIPKECLY TVIILKENTS MLDI 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 416:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSILKLVIP WPPPGENQPH60  
 PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD 83

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 417:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

5 RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60  
 LYLFLQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 418:

- 10 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

25 TLNPHKTLISA KKRARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60  
 EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 419:

- 30 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

45 YSFFFFLYQN NHLPLFFLER EEESGEEGKN AKCHFELLVH HTRGSPLMSA ASVHRPQVKE60  
 RMRSSWTS 68

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 420:

- 50 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

15 KPSIHFFFSC TKTIIFLYFS WSGKRRVEKK GRMQSVTLNF SETTHVGVHS CQQPPCTGPR60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 421:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

35 DAGCRFVAPA LSGSPEITPQ RQLPFVNTRQ AVLAGPTRPH SFFHLGPVHG GC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 422:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

VLGKSSMSIT IVWKANLHPK QIEVSQVKPH RMANRCLGCR MQVRGPGPVW LP 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 423:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 423:

YRYVFPTTHY GYNGVELQTV KFCFGLVSPD PPRQELPLPP YLPALKLCPI KLDTNLTGF 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 424:

- 25 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 424:

40 VTCLSLYVET NFTMITDLGN ISSLNFTIL KCLLGKLTFF CSKGALHLLK PWGHTSSVAS60  
 EGQILWVVD NFVLTYVIL 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 425:

- 45 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 425:

HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60  
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSEPPS GTKMVEGIIN PT 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 426:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

SMPFQFGTQP RRFPVEGGDS SIELEPGLSS SAACNGKEMS PTRQLRRCPG SHCLTITDVP60  
VTVYATTRKP PAQSSKEMHP K 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 427:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

GRASALACHR YRSDWASGLY ILAALSTSSS IGSSGGRGNW QQVGNYVKES PDVIISGCHR60  
NI 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 428:

- (A) LÄNGE: 10 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

REHQLLSGND FQGTSGVAWL VTSPSHYRQH WSSAQVPAQL KNLLLPLETS LAGFQIEKAY 60  
 FTEHQKRLSL IPVEVNKSM L STGLSTEGWN CQRNDDQMER 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 429:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

NSHLNVTLLI IMLIFSISYR NQSLKLRG LKNVYHSIFI

40

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 430:

- (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

GGIGYKGRYL NSSNNGYNPF FHNHLGCFKA I

31

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 431:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

TLIPIRDAKN QHNYQCHIQ VGILPNTTIK GRIKLDNKIK KYKAFKNLTH HLK

53

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 432:

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

IALKHPKWLW KKGLYPLFEL FRYLPLYPIP P

31

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 433:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

10 CNIFQWGPSE HTCWTVQTIS SPEGKYFCIR GNSVLERNMF FISQIKTSLN GKLASNFFKY60  
SIFFSPLVVT GFYRSSYTVC FNSGP 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 434:

15 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

30 LLIREINQVF PLIYDAIYFS GGLQSTPVGR CKPYLLQKAN TfvSEETQFW RGICSLYLKS60  
KLSLMVNWLL IFLSTVFFFP L 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 435:

35 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

50 YKSICLLEKI WFAPSNRCAL KAPTEIYCII DEGKDLVNFS YQKLVRTISC PTWLPGAQGF60  
FSEIVLRDPQ TCSPSPGATC ASSPRRQAVR SMRLS 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 436:

- 5 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

SCAFLLWGH SGPTWASMDP GLEQAHLHLF HLRQCGSRCQ EGLTSGPSRF LCARNERP60  
 ILPPRLDPEV RAGQPSRKHT V 91

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 437:

- 25 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

40 SRWNSHPLL ISPLTSLKLL SSSKSHCQLP YVVLGPREPW NLAPWGGLIP AREHSCFSRD60  
 TVACMGQHGP WADHVHSCFS GDTVGPHGPA WTLG 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 438:

- 45 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

HLEPHCLRWK RWRCACSSPG SMLAHVGPLC PQRSRNAHQ PRVHAGPCRP LCPLRSRNAL60  
VPELNHPRVP GSKAPWDPEP HTEVGNGSLM S 91

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 439:

(A) LÄNGE: 456 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

ITKTHKVDLG LPEKKKKKKV VKEPETRYSV LNNDYFADV SPLRATSPSK SVAHQAPEM 60  
30 PLVKKKKKKK KGVSTLCEEH VEPETTLPAR RTEKSPSLRK QVFGHLEFLS GEKKNNKSPL120  
AMSHASGVKT SPDPRQEEE TRVGKKLKKH KKEKKGAQDP TAFSVQDPWF CEAREARDVG180  
DTCSVGKKDE EQAALGQKRK RKSPREHNGK VKKKKKIHQE GDALPGHSPK SRSMESSPRK240  
GSKKKPVKVE APEYIPISDD PKASAKKKMK SKKKVEQPVI EEPALKRKKK KERESGVAGD300  
PWKEETDIDL EVVLEKKGNM DEAHIDQVRR KALQEEIDRE SGKTEASETR KWTGTQFGQW360  
DTAGFENEDQ KLKFLRLMGG FKNLSPSFSR PASTIARPNM ALGKKAADSL QQNLQRDYDR420  
35 AMSWKYSRGA GLGFSTAPNK IFYIDRNASK SVKLED 456

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 440:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

VRVCFLLPRV SCLPTLSLLL FLFPQSWLLD DWLLYLLFGL RLFLCGGLRV ITYGDVFRSL 60  
 NFDWLLFTSF PRAALHGPGG LGVAWEGISL LVDEFFLLHL PIVFSGALPL PFLPQGCLFL120  
 ILLPH 125

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 441:

- (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

25 SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60  
 NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAERLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSFQGSPIA120  
 TPLSLSEFFF LFRAGSSMTG CSTFFLDFIF FFAEALGSSL MGMYSGASTL TGFFLLPFLG180  
 LLSMDLEGLE WPGRASPSWW IFFFFTEPL CSLGLFRFRF CPKAACSSSF FPTEQVSPTS240  
 LASLASQNGQ SWTEKAVGSW APFFSFLCFL SFLPTLVSSS PCLGSGEVFT PEAWDMARGD300  
 FLFFFSPLRN SKWPNTCFLR LGDFSVRLAG SVVSGSTCSS QRVLTPEFFF FFFFTRGISG360  
 30 ACPWATLLEG DVALKGETSA K 381

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 442:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 35 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

50 DHHNKLSQLS QTYIILLSVN GEKISPYVLW VKCCNRLGLS NLP

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 443:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 55 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

15 MVISIFPPLL YKLIFTHLLL YKLTFTNTNK RLVLSQFICH EPRNN

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 444:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

35 GKPKNCCDFE QGKLDNPNLL QHFTHKTYGL IFSPLTDSSI

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 445:

40 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

GVGGGALRSA ALPW PLT STCSRCTKPS TAEMEHLVQS WCL MLQ THDFKWPLQR60  
RSVNKSWNPL MMKCLQLI 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 446:

5

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

RLRRRGWRSP FGGAPMAHIT INQYLQQVYE AIDSRDGASC AELVSEFKHPH VANPRLQMAS 60  
PEEKCCQQVLE PPYDEMFAAH LRCTYAVGNH DFIEAYKCQT VIVQSFLRAF QAHKEENWAL120  
LSCMQ 125

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 447:

30

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

45

MSCKHFIIRG FQDLLTLLW RGHLKSWVCN MRMFKRHQLC TRCSISAVDG FVHLLQVLVN60  
GNVRHGSAAE RRAPPPTPQA 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 448:

50

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 451:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

SASHPESRLC RGGADMQAPR GTLVFALVIA LVPVGREPSS QGSQSALQTY ELGSENVKVP 60  
 IFEEDTPSVM EIEEMEELDKW MNSMNRNADF ECLPTLKEEK ESNHNPSDSE S 111

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 452:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

EEWALEETAK GSCVYVDLKL IKFVSSSSSV GSLSRLPQGL LLENMSAIQ V 51

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 453:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

5

FDSFSSFKVG KHSKSAFLFM LFIHLSSSSI SISITEGVSS SKIGTFTFSL PSSYVCKAL 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 454:

10

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

25

PITTCSLGDP GKDKYTCTHR GRERCVQRIC INILFSDPDM RSQCCMMKRW YDSTYVPIVL 60  
LFLYFLFRSF TIGRFQKHSF HHHLEMVCLN GDNRSRCSIS SRHGLLI 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 455:

30

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

RRGVSELLSR QKWYHYVAAL QSPRARSLEN HLLSRFFFFL RVGVSLCCPK TRPGNCWGAK60  
GIAPVPQASR VGR 73

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 456:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

15

SWGNIVRLLP SKKKKNAKEG DSLESELWEI GERQHNDTIS AYLEGKKLLS FSCMVTVISS60  
RKDISKE 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 457:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

35

DQPSLPFIRH KTLNLTSMAT KIIGSPETKW IDATSGIYNS EKSSNLSVTT DFSESLQSSN60  
IESKEINGIH DESNAFESKA S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 458:

40

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

QLISPKAFRV LILNPKKSME FMMKAMLLNQ KHLESIFFEK P

41

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 459:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

IPEVASIHV SGEPIILVAI LVRLRVLCRI NGREGW

36

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 460:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

NSEGFRRNQL LQIDLKIFLS CKFQKLHQST LFQVNL

36

## 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 461:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

10 GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLKVIP WPPPGENQPH60  
PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 462:

15 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

30 RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60  
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 463:

35 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

50 TLNPHKTLA KVARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60  
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 464:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

NLFTMKFLPE FSPFDTNSMH VSTFETQPNV ISVKSSLSLP SSNLPSPRVY LPFCAHLSYS60  
SMLFYNCDSF GSLGAI 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 465:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

NQRMIEIYSN TKTERKCHST LKAANTIDHF IWLPSQESH NCKITCYCNS NVHKMAGKL 59

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 466:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

5 HATVTQMCTK WQVNSRRRQI TAWKTQGRFY RNDIWLSEEG

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 467:

- 10 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

25 IPLQRFSLLT SLFFVLKLDL LVVHASLSLV TVNNLPTSSN Q

41

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 468:

- 30 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

45 LSKAIYFCKK AAACINHDHS STLNKKRKRF LSLTQSLPLC HSPRGWGWA HSKLTRLAIC60  
EYFSK

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 469:

- 50 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

PDWLFVNTEP NKEGKGDVSY SGGKCSFSGK NGCRVGNQGS RCELLIRTGG KVVHSN 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 470:

15

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60  
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 471:

(A) LÄNGE: 399 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRRELPF 60  
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120

PGVTEVTIIE KPPAL . . . . . MIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGA . . . . . WSV KLDEHIIPLG180  
 SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240  
 GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLOALY WHFLTDFTTA YRLLITHLG LPQWQYAFTS300  
 YGISPQAKQW FSMYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPKSV FKSKNKIVIP KKKGPVQAPAG360  
 5 GQKGPSPGSG PSTSSTSKSS SGSGETPPGK LRHPSFQFA 399

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 472:

- 10 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

25 RSAGGFSSMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLQPSPG DDASSSMARD RDSRAAGAGG60  
 GPDFASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 473:

- 30 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

45 KYVSHANISI YKWRTLTLTL FSYKIPNFVI ILSGITLYCK NASYFTFKFD NVCDEL 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 474:

- 50 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear  
 55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

QLISPKAFRV LILNPKKSME FMMKAMLLNQ KHLESIFFEK P

41

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 459:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

IPEVASIHV SGEPIILVAI LVRLRVLCRI NGREGW

36

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 460:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

NSEGFRRNQL LQIDLKIFLS CKFQKLHQST LFQVNL

36

## 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 461:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

10 GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSILKLVIP WPPPGENQPH60  
PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 462:

15

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

30 RRKASIIAEK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60  
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 463:

35

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

50

TLNPHKTLA KKHARVIFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60  
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 464:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

NLFTMKFLPE FSPFDTNSMH VSTFETQPNV ISVKSSLSLP SSNLPSRVY LPFCAHLSYS60  
 SMLFYNCDSP GSLGAI 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 465:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

NQRMIEIYSN TKTERKCHST LKAANTIDHF IWLPDSQESH NCKITCYCNS NVHKMAGKL 59

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 466:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

5 HATVTQMCTK WQVNSRRRQI TAWKTQGRFY RNDIWLSEG

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 467:

- 10 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

25 IPLQRFSLLT SLFFVLKLOF LVVHASLSLV TVNNLPTSSN Q

41

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 468:

- 30 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

45 LSKAIYFCKK AAACINHDHS STLNKKRKRF LSLTQSLPLC HSPRGWGWT A HSKLTRLAIC60  
EYFSK 65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 469:

- 50 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: F

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

PDWLFVNTFP NKEGKGDVSY SGGKCSFSGK NGCRVGNQGS RCELLIRTGG KVVHSN 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 470:

15

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

ARPAPAGREG RGEGEATSRG CGVGHRAGPR EPAPHGAAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60  
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 471:

(A) LÄNGE: 399 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRRELPE 60  
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120

TIIE KPPAERHMIS SV KLDEHIPLG180  
 SISKL TQLTQSSMYS SWJSR SVIFELDSCN240  
 CLVYK SGKPALAEDT LPNLG LPQWQYAFTS300  
 PQAQOW FSMYKPITYN TNH KKKGPVQAG360  
 PSGPSG PSTSSTSKSS SG 399

# INFORMATION ÜBER S

- (A) LÄNGE: 96 Amino
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: line

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: M

(xi) SEQUENZ-BESCHRE<sup>2</sup>:

25 RSAGGFSSMV TSVTPGEDSR MR DASSSMARD RDSRAAGAGG60  
 GPDPASAPRP ISWHAGNGSS RR 96

# (2) INFORMATION ÜBER S

- (A) LÄNGE: 56 Amino
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: line

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: M

(xi) SEQUENZ-BESCHRE<sup>4</sup> NO 473:

45 KYVSHANISI YKWRLLTLLL FSI NASYETFEKD NVCDEL 56

# (2) INFORMATION ÜBER S<sup>4</sup>:

- (A) LÄNGE: 37 Amino
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: line

JLEKÜLTYP: ORF

, HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

WIFRVCCISR EIHFYILFY KHLDKGHLTH FKKHKCI

37

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 475:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

PKGLSIKVRRLDTRRKRCR LLNFIIHHIH CQI

33

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 476:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNTLSITIGQ  
AYCYYYISSI YRQKGHERNI

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 477:

- 5 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESEGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 478:

- 25 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

40 EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60  
 ENGSPGSDSW 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 479:

- 45 (A) LÄNGE: 400 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

PQQTTPWAVAG RWCNGPSLHR NRAGLDLPTI DTGYDSQPQD VLGIRQLERP LPLTSVCYPQ 60  
DLPRPLRSRE FPQFEPQRYP ACAQMLPPNL SPHAPWNYHY HCPGSPDHQV PYGHDYPRAA120  
10 YQQVIQPALP GQPLPGASVR GLHPVQKVIL NYSPWDQEE RPAQRDCSFP GLPRHQDQPH180  
HQPPNRAGAP GESLECPAEL RPQVPQPPSP AAVPRPPSNP PARGLTKTSN LPEELRKVFI240  
TYSMDTAMEV VKEVNFLLVN GFQTAIDIFE DRIRGIDIIL WMERYLRDKT VMIIVAISP300  
YKQDVEGAES QLDEDEHGLH TKYIHRMMQI EFIKQGS MNF RFIPVLF PNA KKEHVPTWLQ360  
15 NTHVYSWPKN KKNILLRLLR EEEYVAPPRG PLPTLQVVPL 400

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 480:

(A) LÄNGE: 225 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

SSSGWRVARG SRHSSWGRL GNLWSQLCRA LQGLPRSTSS IRWLVMWLVL VPWKPRKGAV 60  
35 SLCGPLFLVP GAGIIQDNLL HRVQASHTGS RQGLPRQSRL DHLLVGCSR VMAIWHLVIG120  
TSRTMVMIVP WSMWGKIGRQ HLCTCWIPLR FKLRELPGPE RSGEVLGVTH GGEGQGPFQL180  
PDAQDILGLG IISRVYGWQI QACSVPVQAG AVAPSPCYRP RSLLR 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 481:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

KQRMQSSHRL HFKARVGGGL RGRALHNRFP GGQRASRGGT EKNQVCLPT SLSQNAVRTR 60  
 PQTWPGLSDL GMNGVTREPP EGWAEAPVEE PHTLPLSAAA AGCFFYSWAS CRHECSEARW120  
 AHAPS 125

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 482:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 10 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

25 VAMTAKDCSI MIALSPCLQD ASSDQRPVVP SSRSRFAFSV SVLDLDLKP Y ESIPHQYKLD60  
 GKIVNYYSKT VRAKDNVMS TRFKESEDCT LVLHKV 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 483:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
 30 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

45 LHCLPVC RMP ALIKGLWSLH RGPGLPFPCL CWTLTSSPTR AFPISINWTA RSSTIIQRL Y60  
 VPKTTP 66

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 484:

- 50 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

10 NKAFTIRESD MSPGWERRTI QNVFPGLNGH FHFESVSSFL GHSTHFLHSL SRKLFVLVFN 60  
SMSPRGNPTS KGVKSKNIHN QRSPTTNI SIIQPSHYVQ VSKTLQGKS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 485:

15 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

CSSIPCLQEA IPPQKGLKAK TFTTKGHPTQ QKISLSFSLH IMFKFQRHCR ERVRPCGELM60  
CNLRFP 66

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 486:

40 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60

SRHAMKLASA LRRG: HPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAAA RS

109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 487:

- 5 (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

25 AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPPSSLR RAFRRRELPF 60  
 PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120  
 PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHTWSV KLDEHIIPLG180  
 SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240  
 GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRLY WHFLTDTFTA YYRLILITHLG LPQWQYAFTS300  
 YGISPQAKQW FSKYKPITYN TNLLEETDS FVNKLDPSKV FSKSKNIVIP KKKGPVQPAG360  
 GQKGPSGPGSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 488:

- 30 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

45 RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVSF S RCGLLQSPG DDASSSMARD RDSRAAGAGG60  
 GPD PASAPR ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 489:

- 55 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

15 LAAGRGKEEE MGFEDHGLPF LPLTHHTFPF PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ QGFSPYQREM 60  
WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEWVPF LQMDLLRRII VFHVFPQVT KINICIYNLY120  
YCYIFVDNTE RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SC 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 490:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

35 GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60  
40 FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 491:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

KWGTQRAGNF HYPILGLNLK EYIHYQELST KAGVKLHYTW LFTIPGSPQ HDCGRPKDIP60  
RFRL 64

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 492:

15 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

30 RFTASRVGNE PDINTPSSMP CPPSGVPVK AGSHFHPQA VPKALEEPKE RQEPSWELTL60  
MTRGQLAQFP LFSWGEGTL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 493:

35

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

KSSPDPARHY GSPPEGERPG KRSVPKVNPR SLGPTSLPTA TSHQPHARAR PFPLQLTAQQ 60  
MLGQNASPHL TKGLQPAGWE MNQILTPPPP CPAHLLGQYQ 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 494:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

KGSLPPTKQG KLGQLAPGHQ GQLPTWLLPF LGFFQGFGNS LGVGEVASCL HWYWPRRWAG60  
 HGGGGVNIWF ISHPAGCKPL VK 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 495:

- 25 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

40

RVPSPLNKG NWANWPLVIK VNSQLGSCLS LGSSRALGTA GWWEKWLPAP TGTGPEGGQG60  
 MEEGVLISSG FPTLLAVNL 79

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 496:

- 50 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

10 IQKVQYYTSP AAFVNGSLHS HWGTTVCMGR NSKCPHCGHW VGS AFCQGVC RNWLISVCQS60  
DQHTKVSAIK NVASLHPPSC YSGPSNLM 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 497:

- 15 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

30 SHTSEKRRGT REEVTPASRS SISGVKRGTV ALPSWLRMRK SFLQWEEIHF SIPVQSDFMG60  
PVLNSDCIIN TIKRDSEMGs RIHWONSKAY NTALMDPT 98

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 498:

- 40 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

55 AGYTPVSSTI RQLHQITGPR VTGWRMQGSH ILYGRDFGVL ITLAYRNKPI PADSLTKGTP60  
HPMTTMRALA VSAHAHSCTP MAV 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 499:

- 5 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

GKICEYVNFL SLRDDRMFPY FSCKENNILT YTSCRKYHLF PLYYSTMFTL LYCQAESIKN60  
 VHIHFELCIL FLKKGAGLWH WAGHD 85

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 500:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

SYRLKGIGKC VFSRDHVESE QCWQTLPRKS CFSRCPCFGI SFLGRKKKSS LTIVNSISYF60  
 SFCCSNGFPP TIIPSIYVLL YSPLSPVTF L SNTFPKPF 98

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 501:

- 50 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

10 VSSCTSNHGV RSSLSSGEHK CTERDVLVRT TKELPSLSLT QAMCTCDAE CAGVGGGHVA60  
PPEHFLTGKL GDPLLNVFE IRTVSFT 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 502:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

TPKTLGCLLV SRVEQAQRES LGPELKEFIE PWQTGSKQPI LAAVLRRECG GQI 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 503:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

PSGPFSSLES TLLLQQVQAA IASFLSDCNS PIRFPCFYIC PPHSLNTAA RMGCLLPVCH60  
GSINSLSSGP KDSRWACSTR DTSRQPSVLG V 91

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 504:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

VFIYDSLIIIP TSISSVHTVC QMFHAEPVSR ILLSDYGGFT TRPGSNLSLGS KVGHSSMHR 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 505:

- 25 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 505:

40 DRKFWNQKID PVFSYIQSST SEFLFLNIGV LALFLKDALY LKRKLDERTG CGAVKYFRPR60  
 SVYTFYRRNE VL 72

## 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 506:

- 50 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

10 SILGPGLCTH FIEEMKYSEV FWLPFHFCV LNLSDHTYIV LLGAVVSFIK PLACVQKFLK 60  
GNTSNAYPLL ACYAACFTAI AVCFTVEVKI PLSPFVLVTGK AC 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 507:

- 15 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

30 NNEHKMLFII TSICEISYCK TTTGLLLNSL VIVFRLEMP TLVINITKYN VFLGRHFIKC60  
IMPWLLLR 68

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 508:

- 40 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

55 LKFLQVLKFF FYSLHWIYVF LIPNMFNWDV CHSRAARQTF KSNSHTAELA FLLTQKFRKL60  
TVTVT 65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 509:

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

GPRAHWPLPN TMLEPKRANM GPEYNGDIFM EQPFNLTCLL LSFPPISSNL FCLTIYYLLG60  
 ITSSYRIPSS LMSCPQY 78

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 510:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

45 SLKLLGFLDV ENTPCARHSI LYGSLGSVVA GFGHFLTSE YLYFLFLYVL KKAFLYIMNY60  
 FFF 63

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 511:

- 50 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:  
SFVKWSPNLK LGNYEEEEKIA RYLLRSACRS AVGLVTIGSK VLLQWQILWP LSG 53

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 512:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:  
ICCRACHHWK QGPTSVADLV AFEWLKTTTL HRAGAMHRHP SLP 43

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 513:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

QALQQIYRQT LTDTGQFSLL RNFLVLSWVT ILQNFTT 37

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 514:

- 5 (A) LÄNGE: 228 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

TGGARARRPL SAVARPARSS DPLRSAPLGP APPVNMIRCG LACERCRWIL PLLLLSAIAF 60  
 DIIALAGRGW LQSSDHGQTS SLWWKCSQEG GSGSYEEGC QSLMEYAWGR AAAAMLFCGF120  
 IILVICFILS FFALCGPQML VFLRVIGLL ALAAVFQIIS LVIYPVKYTQ TFTLHANRAV180  
 TYIYNWAYGF GWAATIILIG CAFFFCCLPN YEDDLLGNAK PRYFYTSA 228

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 515:

- 30 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

45 DPLPPPSWEH FHHSEDVWPW SLDCNQPRPA SAMMSKAMAL SRSRGRIQRQ RSQARPQIRIM60  
 LTGGAGPSGA ERSGSEERAG RATAESGLRA RAPP 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 516:

- 50 (A) LÄNGE: 208 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

10

TLPKNGFKVA WRNSFFFWSP SQQQRFSPTE IPKLGRCEV PGLGIAQKVI FVVGEAAAAE 60  
GTADQDNRC PPKAVGPVID VSDSTVGMKG EGLGVLHGVN YQGDDLEHSS QGKETSNSHQ120  
EDKHLGSTEG EGEDETDHQ DDEATEEHGS RCSTPRVLHE ALTALLVGPA AAALLGAFPP180  
QRRLAVVAR LQPAAAGQRD DVEGDGAE 208

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 517:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

35

PSCPPMKKE LPVDSCLPRS LELHPQKMDP KRQHIQLLSS LTECLTVDPL SASVWRQLYP 60  
KHLSSQSSLL EHLSSWEQI PPKVQKSLQE TIQSLKLTNQ ELLRKGSSNN QDVVTCDMAC120  
KGLLQQVQGP RLPWTRLLLL LLVFAVGFLC HDLRSHSSFQ ASLTGRLLRS SGFLPASQQA180  
CSKFTPTVCK VTGWLGEKCR FGV 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 518:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

5 PEVMAQEAYS EDQQQEEPR PGQPRTLNLL QQALAGHVTG DDILVVTATL PQQLLVGKLE60  
GLNGFLQRL YLLGNLLPGA EQVLQKAGL 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 519:

10

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

GTPKRHFSPN QPVTLOQTVGV NLEHACWLAG KKPDDRSNRP VREAWKELCD RRSWHRKPTA60  
KTSSNRRSRV QGSRGP 76

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 520:

35

- (A) LÄNGE: 355 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

50 FRHSMNGCEK DSSSTDSANE KPALIPREKK ISILEEPSKA LRGVTGPNIE KSVKDLQRCT 60  
VSLTRYRVM I KEEVDSSVKK IKAFAELHN CIIDKEVSLM AEMDKVKEEA MEILTARQKK120  
AEELKRLTDL ASQMAEMQLA ELRAEIKHFV SERKYDEELG KAARFSCDIE QLKAQIMLCG180  
EITHPKNNYS SRTPCSSLLP LLNAHAATSG QQSNFSRKSS THNKPSEGKA ANPKMVSSLP240  
STADPSHQTM PANKQNGSSN QRRRFNPQYH NNRLNGPAKS QGSGNEAEPL GKGNRHEHR300  
55 RQPHNGFRPK NKGGAQNQEA SLGMKTPEAP AHSEKPRRRQ ARCPTREGQ GPFRG 355

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 521:

- 5 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

NQNVKNRGTQ KKCLPSVEKL PNPPWGQKNA TVKTPNRKLT PERPLALPRC PAACLPSPGL 60  
 FRMGRGLGGL HPQGSLLIFG TAFVFGPEAV VRLSSVFVAA VALSQWLGEI PTALRLGRPI120

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 522:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 522:

RAVRISMASS LTLISIAINE TSLMMQLCN SAKAALIFFT ELSTSSLIMT RYLVRETVQR 60  
 CKSFDTDFSIF GPVTPRSafe GSSSIEIFFS RGIRAGFSLA ESDVDELSFSQ PFMLCR 116

## 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 523:

- 50 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 523:

RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60  
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILEFDV120  
VVFLFVYFLP 130

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 524:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 524:

35 ISANKSWQKI HKEKHHHIEK DEKPEVQPVG VFGKPICPRL RPHIEVLPPS LAKASPLPET60  
ISTINTRCVH LHLAPAAS 78

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 525:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 525:

GLTSKFCLPP SLKPRRSRRP SRPSTPGAST SISLLQLRNN PRNRKCLSSR TLVFAAPETE60  
 RSPAACAVRR APGSGMHSEP TLPSAQAPGS AFRCL 95

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 526:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 526:

25

SLNSTFSVLP QKFPQFQQHR AVYNSFSFPG QAARYPWMAF PRNSIMHLNH TANPTSNSNF 60  
 LDLNLPPQHN TGLGGIPVAG EEEVKVSTMP LSTSSHSLQQ GQPTSLLHTT VA 112

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 527:

- 35 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 527:

50

RFRPCHCQPL PIHYNKDSSL QVSTLLWPDN RTERRGLDSG VLAUATGFLH DSFMILLMY60  
 TPRRANINVP HA 72

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 528:

- 55 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

RNHAKIQLPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVDSGMV ETFTSSSPAT 60  
GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFAVWFK CMMLLRGKAI QG 102

## Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,  
umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-126.
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
 oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos1 - 126, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141, dadurch gekennzeichnet, daß sie im Uterustumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 40 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 45 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 50 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 5 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 142-528.
- 10 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 15 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 142-528, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.
- 25 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.
- 30 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 in sense oder antisense Form.
- 35 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Endometriumtumor.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Endometriumtumor.
- 40 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528.
- 45 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 50 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

35. Genomische Gene ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141.

5

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

10

37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

15

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

## Zusammenfassung

5 Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben.

Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

10

# Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

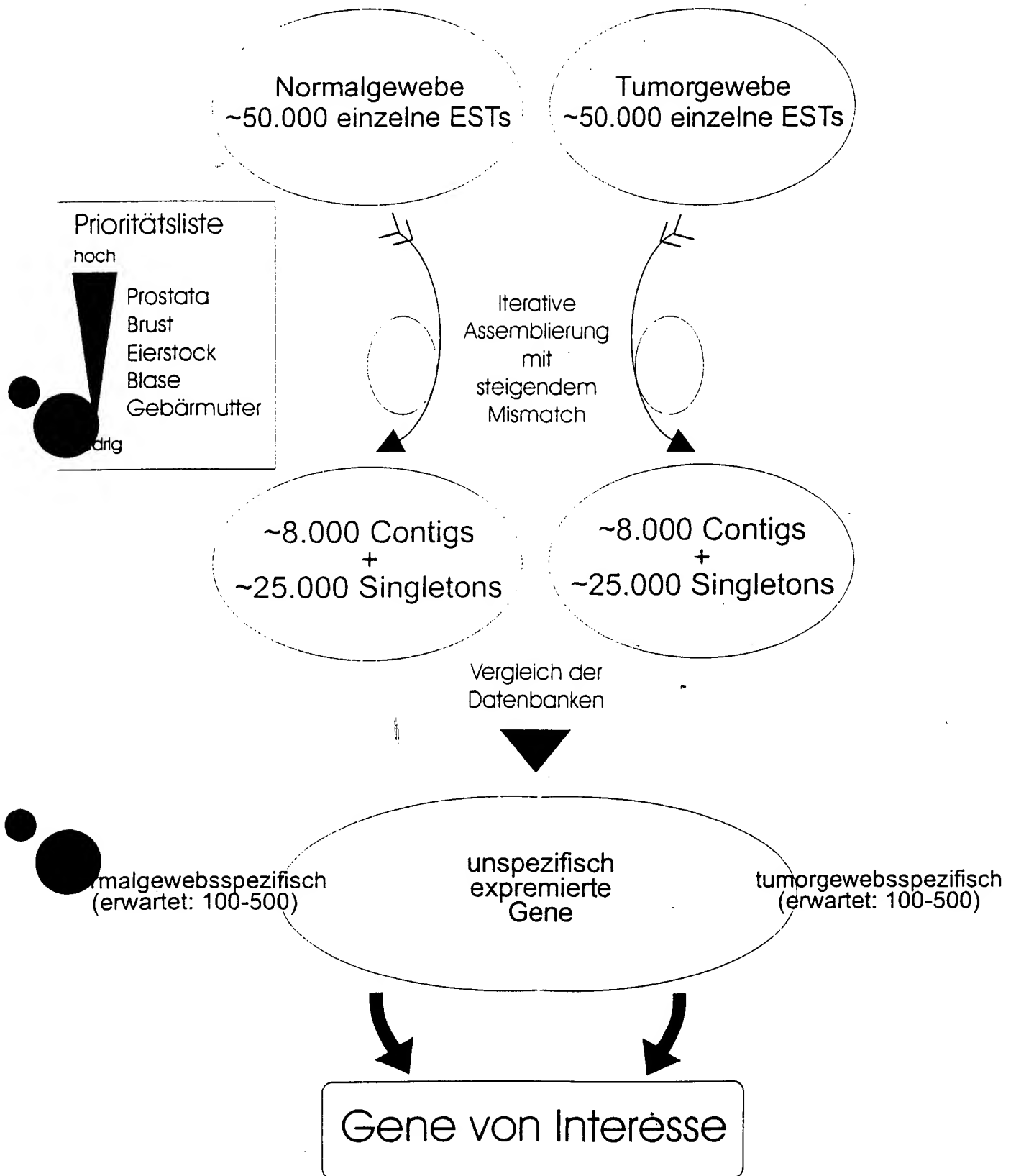


Fig. 1

# Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe

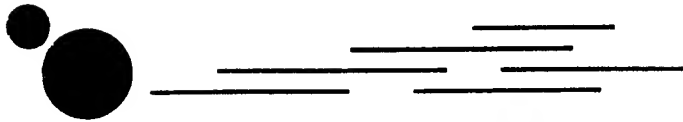


Assemblierung bei 0% Mismatch  
mit GAP4 (Staden)



Contigs

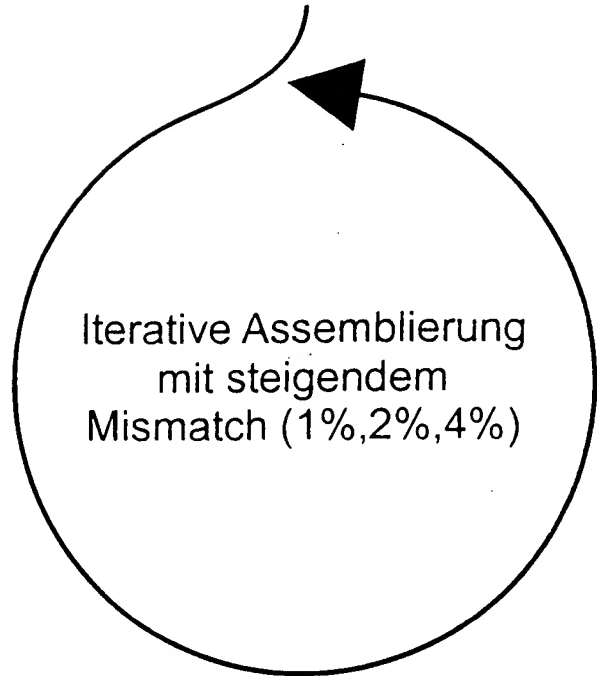
Singletons



In Anzahl und Länge  
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung  
mit steigendem  
Mismatch (1%, 2%, 4%)



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-  
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

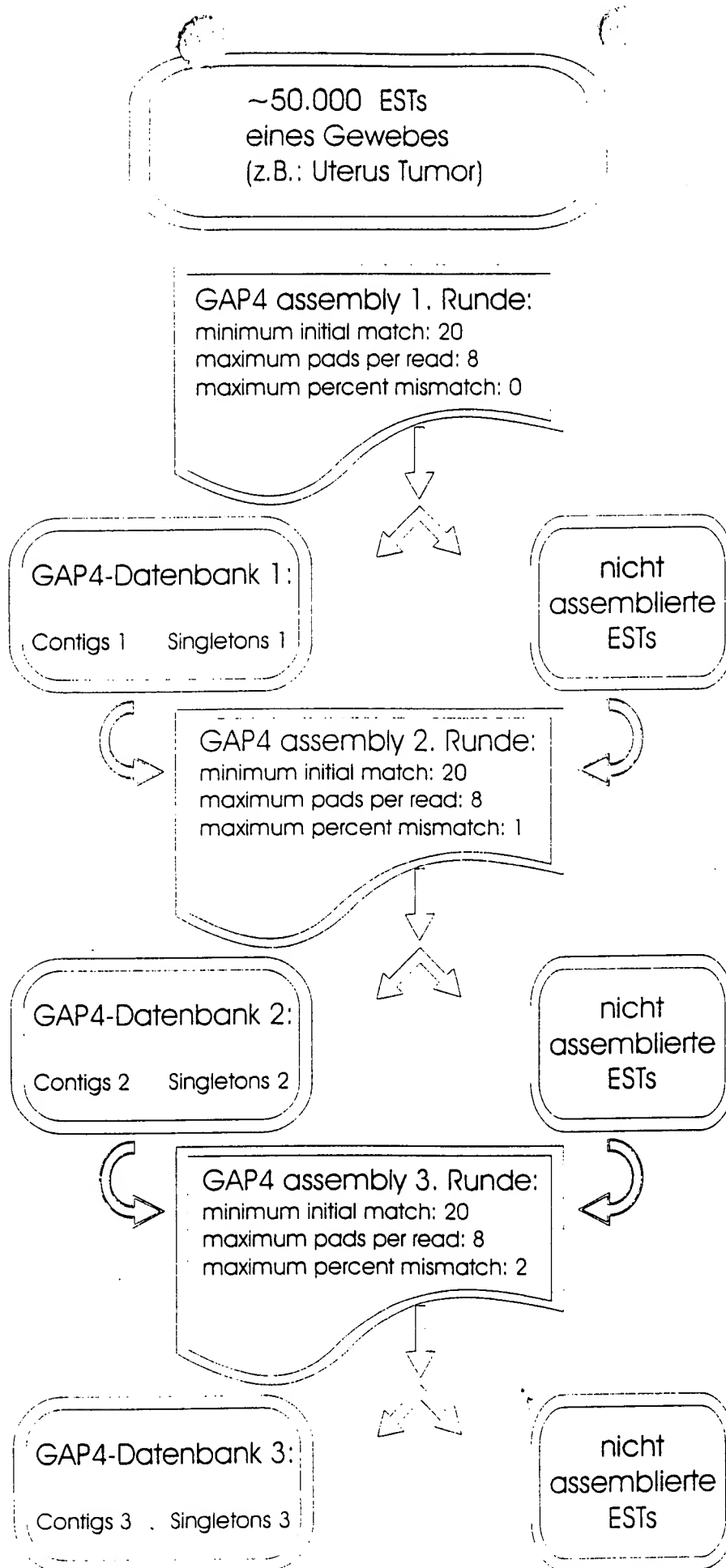


Fig. 254

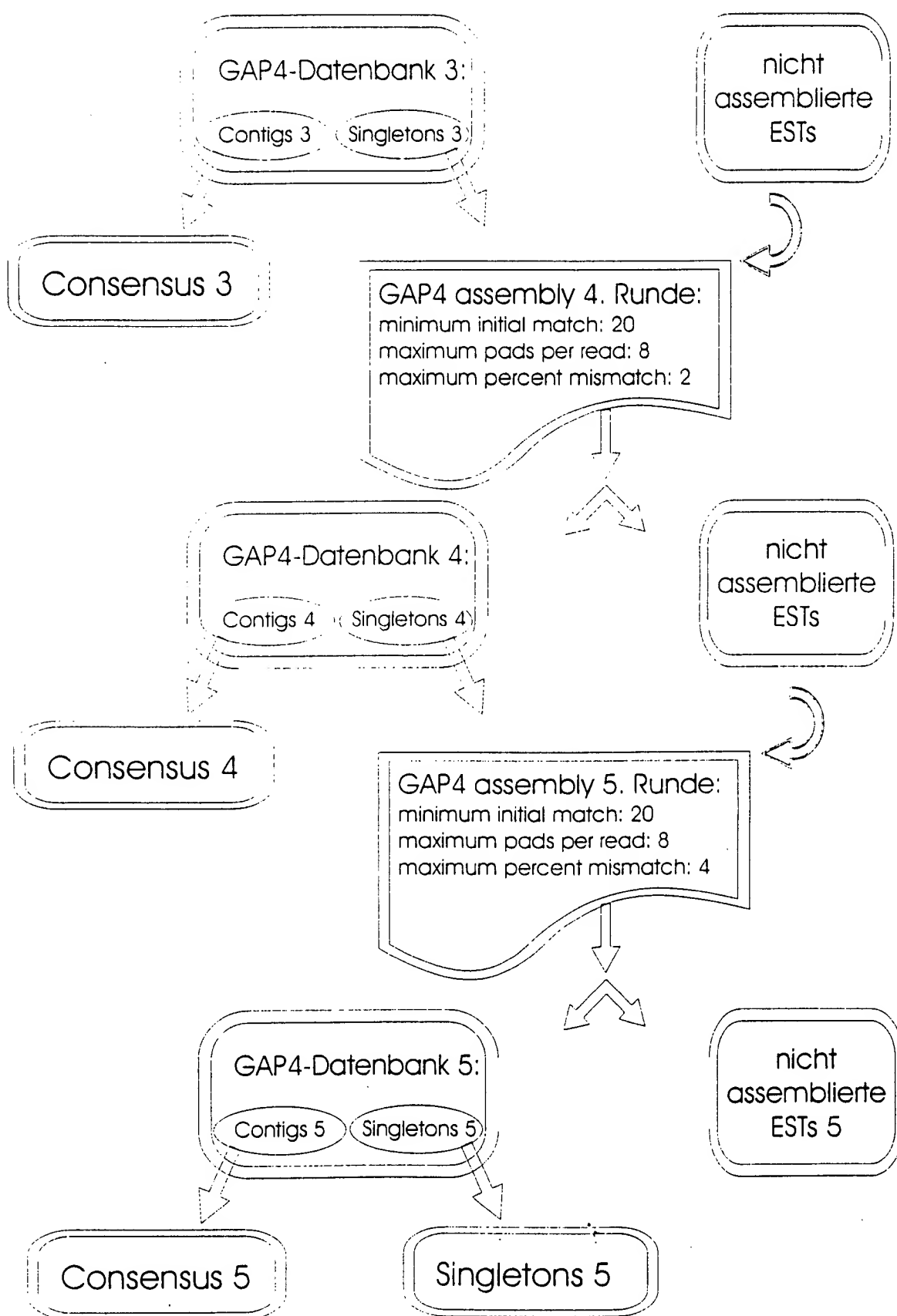


Fig. 2b2

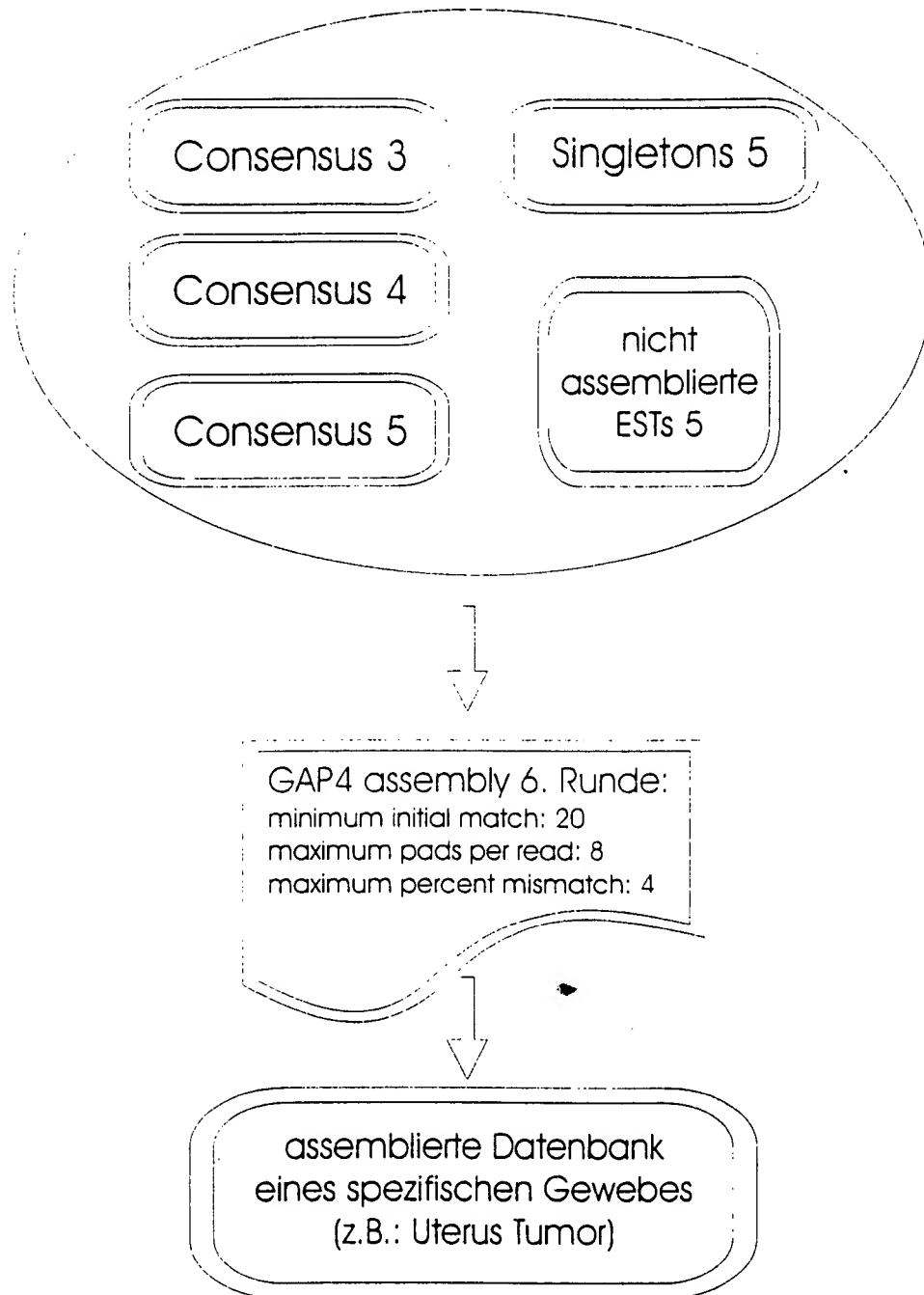
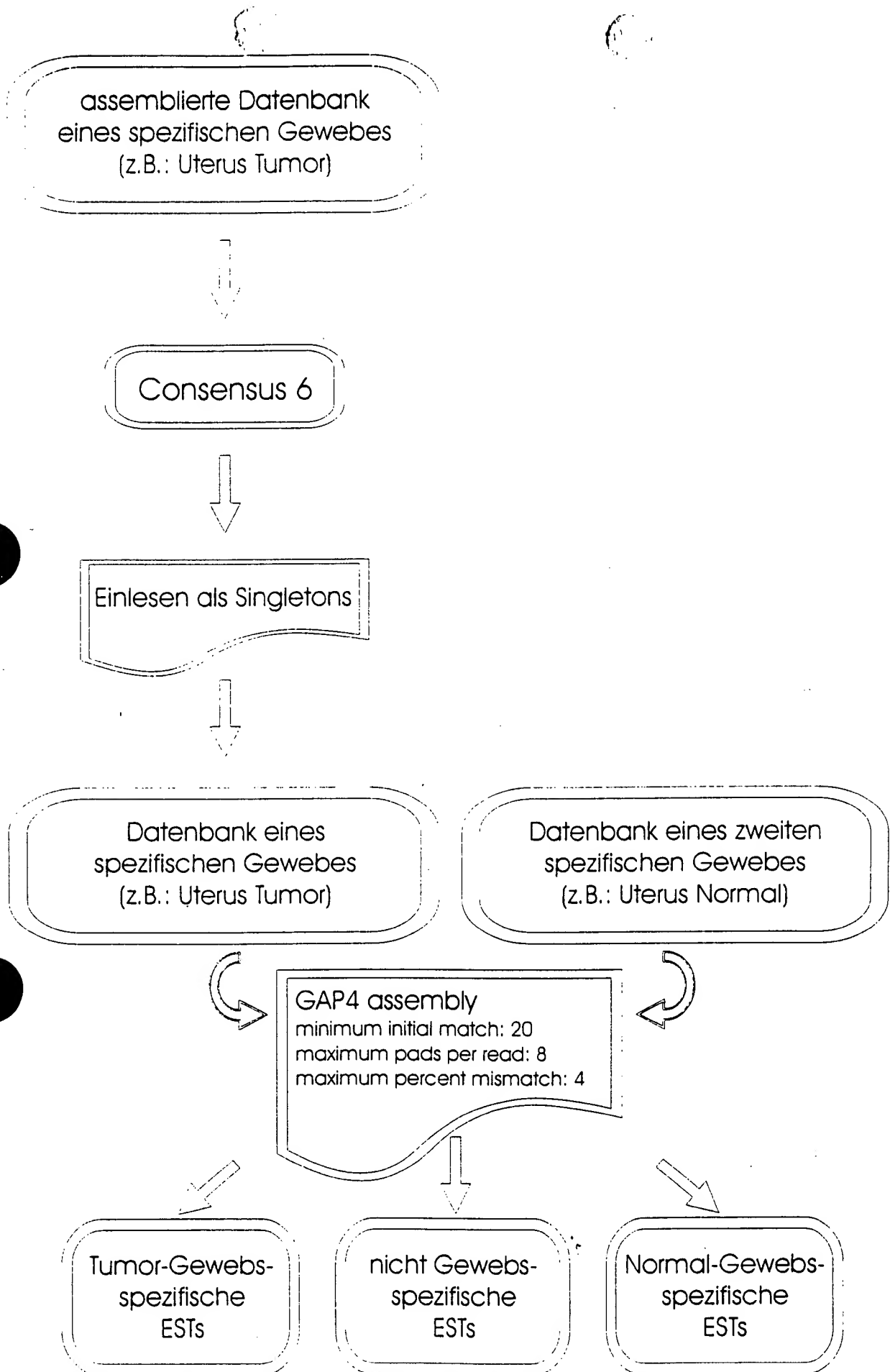
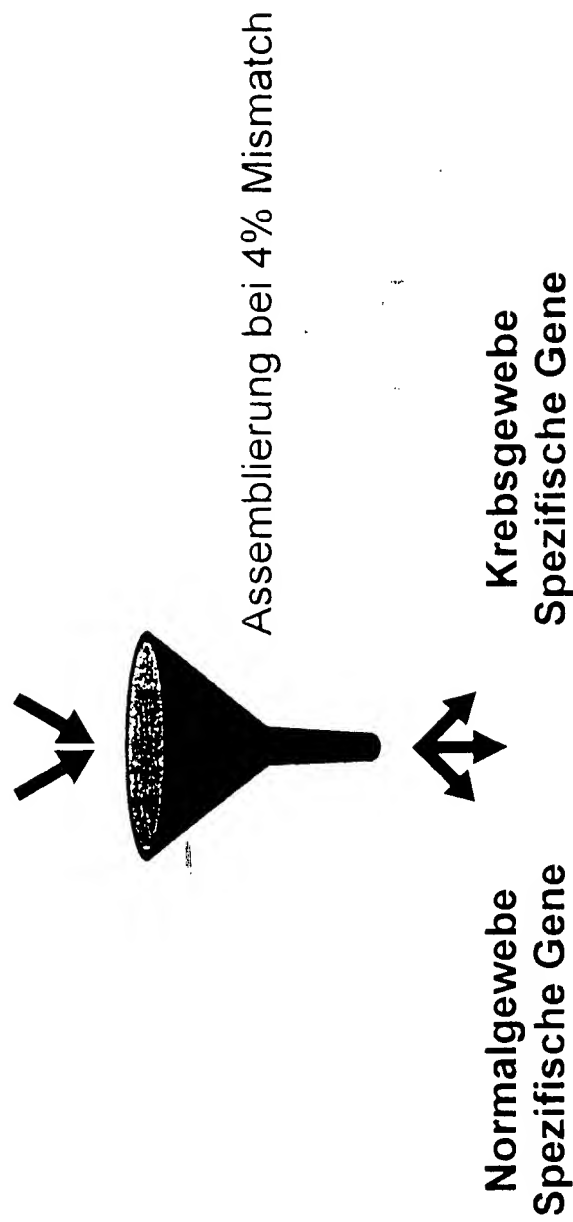


Fig. 2b3



# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen Normalgewebe      ~30.000 Konsensussequenzen Krebsgewebe



In beiden Geweben  
exprimierte Gene

Fig. 3

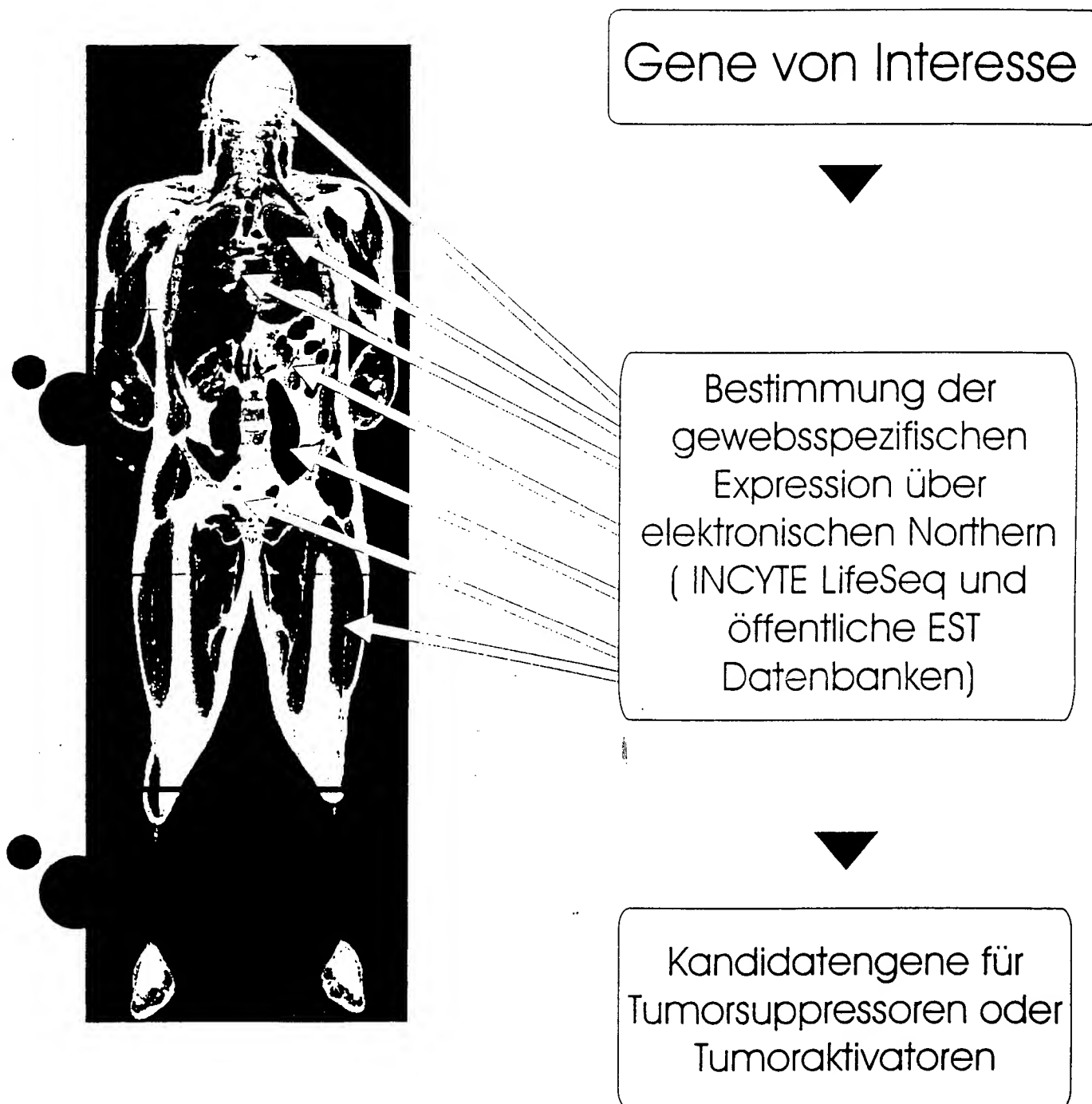


Fig. 4a

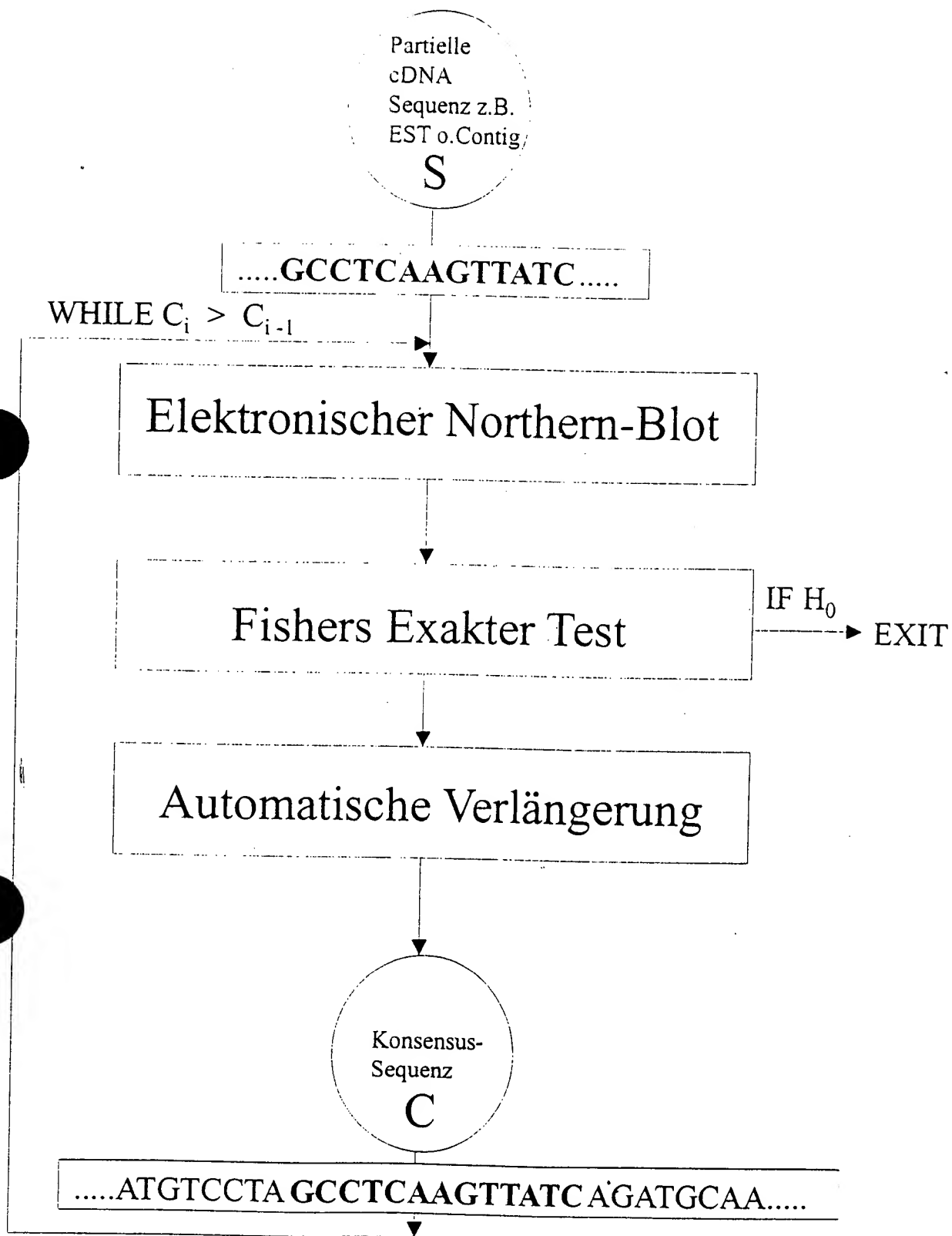


Fig. 4b

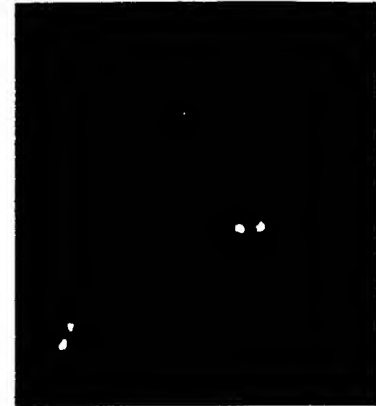
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5